

TCTTTTTTAAA AGGTACTAAT ATTTCTTTAG TGAAAATTGA ATCACGGTCG TTTATTGGTG 120
 CCTTGAGTAT ATTATTATAG ACGGAATCTG ATCTAATAAT ATTGATTTTA TACATGATAA 180
 5 ACCTCCTTAT GTTGTCAGCA TAAAGGATAA CGTAACGTGA TTTTCAAGCA GTAATTGTAA 240
 CTAATTGAmA AAAATTAAGA AAAGTATGTG AGTGTTCCTA AwTAATATGa TTAAAAATGAT 300
 GGCGAATAAG TGTCTaAAAG CATCTTAAAG GGACATTGTA TAGGGTAAAT CACTTCATAA 360
 10 ATAAGGGaAA ATCCTTATGT TCACTTTTTC ACAATCATna TAAAATATAT ATGTAGTCAA 420
 TACTTTGTCT ATATTGAATG TTTTCATATA AATGAAAGCA TTTTAAATA ACATTGACCT 480
 15 CTAATATATA GGCAGAGTAT TGATATCTAT TAAAAATAA ATGATTTTGA TGAAGGTGAA 540
 ACGTATGTAC AAAACAAAAG GTGGCTTTCA ACTTACATTA CAAACATTAA GTTTAGTGGT 600
 TGGGTTTTATG GCTTGGAGTA TAATTGCGCC ATTAATGCCC TTTATTAAAC AAGATGTCAA 660
 20 TGTTACTGAA GGTCAAATAT CAATCATTTT AGCGATACCA GTTATTTTGG GATCGGTGCT 720
 CCGTGTGCCA TTTGGTTATT TAACAAACAT TGTGGCGCT AAATGGGTAT TCTTTACTAG 780
 TTTTATCGTA TTGTTATTCC CGATATTTTT CTAAAGCCAA GCACAAACAC CGGGTATGTT 840
 25 AATGGCTTCA GGATTTTTTC TTGGTGTAGG TGGTGCAATT TTCTCAGTTG GTGTTACATC 900
 AGTTCCTAAA TATTTCCCTA AAGAAAAAGT AGGTCTAGCA AATGGTATTT ATGGTATGGG 960
 AAATATCGGT ACAGCAGTTT CTTCATTTTT AGCACCACCG ATAGCGGGTA TTATTGGTTG 1020
 30 GCAAACAACA GTTAGAAGTT ACTTAATTAT TATCGCTTTA TTTGCATTAA TTATGTTTAT 1080
 TTTTGGTGAC ACACAAGAAC GTAAAATTAA AGTACCATTA ATGGCTCAAA TGAAAmCATT 1140
 35 ATCTAAAAAC TACAAATTAT ATTACTTAAG TTATTGGTAT TTTATTACTT TTGGTGCTTT 1200
 TGTAGCATTT GGTATTTTCT TACCTAACTA CTTAGTAAAT CATTTTGGAA TTGACAAAGT 1260
 AGATGCTGGT ATTCGATCAG GTGTATTCAT TGGCTGGCA ACATTCTTAA GACCAATAGG 1320
 40 TGGCATTTTA GGTGATAAAT TTAATGCAGT TAAAGTATTG ATGATTGATT TTGTTGTTAT 1380
 GATTATCGGT GCCATTATTT TAGGTATTTT AGACCATATC GCATTATTCA CTGTAGGCTG 1440
 TTTAACAATA AGTATTTGTG CAGGTATTGG TAACGGCTTA ATCTTCAAAT TAGTACCATC 1500
 45 ATACTTCTTA AATGAAGCGG GATCCGCAAA TGGTATCGTA TCAATGATGG GTGGTTTAGG 1560
 AGGATTCTTC CCACCACTAG TAATCACGTA CGTAGCTAAT TTAACAGGAT CAAGTCATTT 1620
 AGCATTTATT TTCTTAGCGG TATTnGGAnG TATTGCATTA TTTACCATGC GTCATTTATA 1680
 50 CCAAAAAGAA TATGGCTCAT TGAAaAACGG TTGATATGTA ATACATGCCA TTcATTTAGT 1740
 TAAATACAAA GCCTTaATAT CATGCGCAAT ATTCGTAGCA TGACATTAAG GCTTTAGTAG 1800

55

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGCGAA GTTACGCTCA 1980
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccC TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120
 TATACGGTCT TTAAATGCTT CTTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300
 TTCTAAAATC GCITTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTT AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480
 35 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCTTT TTTTCGCTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720
 TTCACCATTT TCTACATATA TTTCAATTCC ATTAGCATTA TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960
 tTCCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020
 50 TTTACAACA GAACTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTA 1140

EP 0 786 519 A2

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TCAAATGATG CytGTTCAAA	1260
	GTCTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATcTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTG TG CTCTGCTAAT AACTTTTTCA GGTAAATCAG	1440
10	CTAATTTGCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCAT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTT GAGCAATTTT	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAACG	2280
35	TTGAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACCTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTATTAT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCCGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAA	2760
	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
50	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
	TGCTCCCAT TGGTGTTCG TTTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATT	2940

55

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1238 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60
 20 GTCATTTGCT GTTTATTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTYAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240
 25 CCTAACCTTA TATTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540
 35 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600
 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTG TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAAgTtGTA GGTGTTCACT 900
 45 TTGGTGGAAG CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTTTAT TTCTCTCCTG 960
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020
 TTAAAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTCGAAA 1080
 50 TGATTAAAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTAAAC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

	TGATAAGTCA TTTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT	60
15	TTCGGCAATT GTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT	120
	TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT	180
	GTCAATTTTT TCTAAATTTT CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT	240
20	GTTTTCAATA GCATCATAAT TATCAACAAC TyTCAACGTA CCATTATCTA TCGGTCTTTG	300
	AATACCATT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT	360
	GTAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG	420
25	ATAATAAATA CCTGCATCTT TAAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG	480
	GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTACT TCAGCACCAT TCAAACAAAT	540
30	ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAACAAC TGGTGCTTGk GCTTCATAAA ATGCTCGACC	600
	TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG	660
	TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT	720
35	TATCATTATG TnACCTCGTT TCGTAAATnT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC	780
	TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT	840
	TCTaACAAAT nTTAAtTAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT	900
40	AAgTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA	960
	ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCcACTACAA	1020
45	CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGA TGCGACTCAT TACAATTGTT	1080
	CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA	1140
	CTACCTAACA CTTTGGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT	1200
50	TGTAGTGTTC CTCTTaAATT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA	1260
	GCACCTATAG GTACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTAG CTTCTTCAAT CGCTAATGTC	1320
55	ATAAAATATA TATCATTGTG CATTTATGTC CAGATACCTC ACTTATGGTA CAATACTCAA	1380

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAACGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTC AGAAATTCAG TAAAATTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtAcGTaAg	1860
15	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAACTTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTAAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTTCGAAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTTT AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGTACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTCT TTTTAATTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

	GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC	3300
	ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT	3360
5	TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC	3420
	CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT	3480
10	ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTTCGTATT ATGCTGATTC TATGATATTC GTTATCCCCT	3540
	GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA	3600
	ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC	3660
15	ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACCT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT	3720
	TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT	3780
	TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA	3840
20	ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA	3900
	CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTCGAATAA TTCATCGATT	3960
	GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA	4020
25	CGTGTAATAC CAGGTAAAT ACTGCCATTC AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA	4080
	ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC	4140
30	CATAATACTT GGTCATAACC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA	4200
	TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCATCT	4260
	TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT	4320
35	AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA	4380
	AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA	4440
	ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT	4500
40	AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT	4560
	TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT	4620
	TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT	4680
45	TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT	4740
	TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGTGAC	4800
	ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC	4860
50	CaTATTTTGC TGTTCACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA	4920
	AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC	4980

55

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160
 5 TTTTGTTC AATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280
 ACCTTGCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTCTAGT 5400
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCCTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAECTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCAT AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240
 GAAATTCTAG TTGTATTAAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCh TTAAATAATG TTTCATACCT 6420
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4721 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAAC TATTGCTTG GTTGATATTT AGCATTATT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTTG CAACTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
15	TTTATTTGCT AAATTTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTAAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
35	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCAT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGT TTGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TAAAATAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

EP 0 786 519 A2

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCGTGTC GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCAG CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCCTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAACAAC GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGA	2820
	CAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATTAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATT TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAGC TTTTTCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720
 5 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840
 tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT 3900
 10 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080
 15 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140
 ATCTCAATTA TcAACAAGTT TTTcATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC 4200
 20 TAGTAAATAC GAATAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260
 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA 4380
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440
 GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTTAA TTTCTTAAAG 4500
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAAg ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3516 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTAC 60
 TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG 120
 50 AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

EP 0 786 519 A2

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAAC TGT	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATT CAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACATTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCctTT CTCyACGTTA GGTGGCCTG ATTTAGAAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTCAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTTAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTCATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATT CATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTCATGGCCA GAAGTGC GTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTGTA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55

	AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACCTTGTA AGTAAAGCAC	2160
	CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG	2220
5	GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG	2280
	AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA	2340
	TGGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAGGGT ATTCATGTAG	2400
10	GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG	2460
	GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC	2520
15	TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG	2580
	TAAGTGAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA	2640
	CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG	2700
20	CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTCGACAA ATGTCCTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA	2760
	CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG	2820
	ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG	2880
25	CATTAAATA TGTTCTGTGAA CGCGCAATTG AACAACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA	2940
	GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT	3000
	TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA	3060
30	TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA	3120
	TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT	3180
35	TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA	3240
	AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA	3300
	TTAAGGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG	3360
40	ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC	3420
	AATTAGTAGA TGACTACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA	3480
	CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA	3516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7481 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATGStCGCAA ATCACCAATG TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGTTTTGTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm TTCgGGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
10	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTC TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTGC CACCATACTT	480
	AACTTTAGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACCTG TTAATAATTT ATTGAACTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAACCTG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAAT AAACGTTCAA CAAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAACCTA TTTCGTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA TTATTCaAAT TTTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTCGTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTGGTTA TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTCTTCGCCT CCTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCCGTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTAACTA TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAAATATCC GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTtTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAAATAA TAAGATACAm	1740

55

	AATGAACTAC ATAACTTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
10	CAAACTTATA TTACTTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
	CAACAACAAG TTAAATCAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
15	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAATTTGA CACGTTATCA	2280
	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTGTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC ACACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTCACTCT GGTATGGATG AAATGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTTACA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT	2880
35	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAAACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
	TCCTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTCTG AATAGGAGAA TTTTLAGCTC CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540

55

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTGTATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
30	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAAAC TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
50	TACTACGGTT CAGGTTTACC GGAAAATGTT GAAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340

55

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTCAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGGCGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
15	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTTGAAGA AGTATTAACT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGGG GATTATTCGC	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAATA AAACCTTGTG GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CCTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATTA AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAANTA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6346 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTCGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGGTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780
 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840
 45 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTACAGC ACAACATATT GTCATGTTG AAGCATTATA 900
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTTAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATTGCGACT TATATTTTTA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGCAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAAC TGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
40	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTC CCGTGCAATTA GGCATAGCGC	2460
	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTTCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

55

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TCGGTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTCTGAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTTG	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCAATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACGC TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTGG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTAGTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
40	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTGTAA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680

55

AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA 4800
 CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA 4860
 5 ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA 4920
 TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA 4980
 GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA 5040
 10 CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG 5100
 GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA 5160
 CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC 5220
 15 AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT 5280
 ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC 5340
 AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT 5400
 20 GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC 5460
 GAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCGTTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA 5520
 25 TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC 5580
 TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA 5640
 CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT 5700
 30 AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATwAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA 5760
 AATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT 5820
 GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAAGTGAAT 5880
 35 AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC 5940
 CCAAGCATGT AAATATTTAA AATCAAAAma GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA 6000
 ATTAAGTGT GTCTAATTAT TGACTAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA 6060
 40 TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTAAATACA 6120
 AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG 6180
 45 TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA 6240
 AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT 6300
 GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG 6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

5	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCAGG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAACCTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTGTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTGCG GTCAAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAGATA TTATCCAACT TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATTG CATTAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGAAG	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTGT CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTTAG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TGCATGCTA TTTACAGCCT TTACTCAAGG CATACTTATT	1560

55

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTCTGTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
15	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
	TCTTTTATAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTCATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCACT TAACCTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGtntCGTTT 3480
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAACnAGA 3720
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60
 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGG TGACGTATTT 120
 25 TTAAATTTAA TTAAATGAT CGTTATACCA GTTGATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180
 TCGAACGTTG GGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGA AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540
 TTTTAAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA 600
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCAAT CATTGTACT ACAATTATTA CATTGGTGC ATCCGCATTA 660
 TTACCACTAT TAAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTCGCT 720
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCTGTAATG 840
 ATGAAGAAAA TGGAAAACCT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900
 GGTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTCGTT 960
 50 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

EP 0 786 519 A2

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCC TTACAACCTT TGGTgTnAG GGCTnTTTTA 1320
 TGTTCATGCGT CTTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1489 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120
 25 GATTATTTTA TATTTTGTCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTATG 180
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAAATAA TTGCTTTATT 240
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTTGC 300
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480
 35 TTCGCTTTTA TCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAACTGG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTCACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900
 GGTGGAaCAT TTGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATTGGTATT 960
 50 GAACTTATAG GTGTaACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

TTAATCGGCG TACCATTGTC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAA AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60
TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTT AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120
25 TTTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTTAA 180
TCCAKGACCA TAAAGAKGAT TCCAATATAC ATTAACATAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTGGTTCTA CTAATGGTGT 360
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420
35 ATTTTGAATA TTTGAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480
TTTTTTTACA GTATAGATT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540
ATTATTAGTA ACTTTATTCTG TTTTCTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660
TTTCGGAGTA TTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720
TTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTATTTT 780
45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTC GCGAATACAT TTTGCTCATA 840
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTIATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900
CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960
50 ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTATTTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACTTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTGAT ATTGCTTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCTT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACCTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTGTGTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCTTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTGTT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA	2280
	GTGGTAAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTTCGGATCT TCTTCTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAACT TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTTCATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

EP 0 786 519 A2

AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG 2940
 CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT 3000
 5 GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT 3060
 GATGTGTAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTGCATA TGTTTCTACC TCAGATAAAG 3120
 ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CTGCTTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA 3180
 10 CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG 3240
 CTACTCGTCC TTCTGGAACT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT 3300
 CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTGA CTTAGGTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA 3360
 15 AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA 3420
 TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT 3480
 CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT 3540
 20 CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAAACCTTT GCCATGATAC 3600
 TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTTGCAT CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG 3660
 CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA 3720
 25 TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA 3780
 GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA 3840
 30 GACGTTTCGT AACAGGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT 3900
 TTAAAATTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA 3960
 TCCACAAAT AATAGCATTA GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT 4020
 35 CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG 4080
 CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCTATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG 4140
 TATTAACCGC ATTAATCAAC TGCGTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC 4200
 40 TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA 4260
 TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTAT TACCACGTCG AATTAAGCCC 4320
 ACGTTTTTTC CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT 4380
 45 ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT 4440
 GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT 4500
 50 ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA 4560
 TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG 4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCITTTTCGC GTTCAAATTT 4740
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTAC CGTGCTTAGC 4800
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATT TTGACATCTC 4860
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTTAATAAC 4920
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980
 10 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCC TG TATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTac CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240
 30 CATTTTATT AGGTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480
 GAGTtCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTtTTC GGTTTGGTTT 540
 CAATtCTGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTITAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720
 45 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTAAA AATAGAACAT 780
 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

GAATGTTTTT AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTTA 1380
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAATAAT TATAGTAGTT 1440
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560
 15 GGGGATTTGC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAGATC 1620
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAAGTTTCT ATTAAGGGAG 1680
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGTT 1700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 10146 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420
 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480
 45 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540
 ATTCAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTGGGAA 600
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTGAAGAC 720

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTACTGGAT TTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
10	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATAG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
15	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
	TACAACAGTC CATAACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
20	CGAAATTTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAACTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTGTTT TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTCATGTCTG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAAT TCTTCTTCAG	2100
40	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTTCTG CATCGGGATC TAATTTTCC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAATTTT TTCGTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

	TGATGTTTTA GATGCGCCGT GATACTTTTC AGCAATATCA CACAAATATT TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA TCAACTGTAG CTTCTTTATC CATACGTTGA ATAATTGTAC GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT TGCACACCTT TAATGTTATT TGTTTTAAAA GCATGAATAA GTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT GAATCTTCTA AGAAGTCACC GTAAATGAA GGATCTGATT TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA ACAAAGTGTG GTGATGACGC CGGTGAGCCA GTCCAACCGA TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA GGTGCTTGTA ATGGTTCGAT GTGCAATCCA GGCCAGTTTT TGATTAAAC	2940
	TTCTTCAACC GTAGTATCTT CAATTTGATG CTTAACCCAT TCATGATCAA AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT CCACTATATA CACTCACAGC AATATCTCCG CATGAACTTA AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT GCAATCACTG CTAGTTTATA AATGTATAAA TTAGATAACT TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT AATACTTTTA TAACTGACAC AAGTACTGCT GCACTTGAAC CTAATCCATA	3180
	TTTATGACCA TTGAATCAT CTAAATTACT ATCAATAGTC AGATGAAAAT GCTTCATCGC	3240
20	TATATCGCAA CTTTTCGCGT ATTGTTCAAA TATTTCAATA GCTGTGACCA CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT GcATGTGGAT CTGAAATGAC AATACTATCT TCATCTCTAC TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA TGTAATGCTT TTGAATGAAT GGTACCTTTA TATTGGTCTG CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT ACAAACGAT CTAACGCAAT AAGTACAGAT TTATATCCTG GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT CCAGCAATAT AAAGTTTTCC GGGTGCTTTG ACCTGAATCA TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA ATTATTTCAA TTCCTGTGGC AATAATGTCA CTATCAATAA TTTGGTTATT	3600
	ATCAAAGTGT GTTAATAATT TATCTATAAT CTGTTGCTTG TTTTCTTTT CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA GGTCCCGCAT CCATTGTAAA ATAACACGGA TACCCCGCTT CTCGGCATT	3720
35	GTGAACAAGC GCCATGACAT CATAACTTTC TTGCACAAGA TATGTGAACG GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTG GTGGCATGCA TACGCAAACC ATTTCTTCA ATTACTTCAC CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG TCTTGAATCG CTGCTTTTGC TTCAGCTAAA TCTTCATCAA TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA TAAAACCTTG ATGTGTTTCG TGTCAATGAC ATACCATATC GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA TGTTGATTAA TCACAACAAA TATCATGGCA AGGTCATCTT CAAAATGATT	4020
	CGATTCAAGT GGAACGGCAT ATGACGTCTC ATCACTATAC CCTTTTCCC ATTCTGCAAA	4080
45	TCCACCATAA ATACTACGCG ACGCAGAACC CGAACCAATT CGCGCCAATC TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC AGCTGCATGT CTAGCGCTTG ATTACAAGCT GCTGCTAAAG CTGCATATGC	4200
	GCTTGCCGAT GAAGCCAACC CTGCTGCTGT TGGTACAAAA TTGTCGCTTT CAATTTCTGC	4260
50	ATACCAATCG ATGCCAGCTC TATTTCTGAC AATATCCATA TATTTTGAAA TTTTCTCTAA	4320

55

AAAAGTGACT TTCGTTTCAG TGTA AAAATTT TTCTAATGTA ACAGATATGC TATTATTCAT 4440
 TGGAATGATT AGTGCTTCAT CTTTTTTACC CCAATATTTT ATAAGTGCAA TATTCGTATG 4500
 5 TGCACGTGCT TTGCCACTTT TAATCAACGC ATTAACCTCC TAAATTCTCA ATCCAAGTAT 4560
 GTGCTGCACC AGCTTTTTCT ACAGCTTTTA CAATATTTTT CGCTGTTGGT AAATCTTTGG 4620
 CAAGCAATAA CATACTTCCA CCACGACCAG CGCCAGTAAG TTTCCAGCA ATCGCACCAT 4680
 10 TTTCTTTACC AATTTTCATT AATTGTTCTA TTTATCATG ACTAACTGTC AACGCCTTTA 4740
 AATCCGCATG ACATTCATTA AAAATATCCG CTAAGGCTTC AAAGTTATGA TGTTCATCA 4800
 15 CATCACTCGC ACGTAAACT AACTTACCGA TATGTTTTAC ATGTGACATG TACTGAGGGT 4860
 CCTCACAAAG TTTATGAACA TCTTCTACTG CTGTCTTGT TGAACCTTTC ACACCAGTAT 4920
 CTATAACAAC CATATAGCCG TCTAACTTA ACGTTTTCAA CGTTTCAGCA TGACCTTTTT 4980
 20 GGAACCAAAC TGGTTTGCCCT GATACAATCG TTTGCGTATC AATACCACTT GGTTTACCAT 5040
 GTGCAATTG CTCTGCCCAA TTAGCCTTTT CAATGAGTTC TTCTTTGTT AATGATTTCC 5100
 CTA AAAATC ATAAC TTGCA CGAACAAAAG CAACCGCGAC AGCTGCACTC GATCCTAATC 5160
 25 CACGTGATGG TGGTAAATTC GTTTGGATCG TTAGTGCTAG CGGCTCTGTA ATATTATTTA 5220
 ATTCTACAAA ACGGTTCCACC AAAGACTTAA GATGGTCAGG CGCATCATAT AACATACCAT 5280
 CGTAAACATC GCTTTTAATA GACGAATAGT TCCCGCTCTC TAAGGCTTCT ATTA AAACTT 5340
 30 TGATTTTACC TCGTTTAAAC GGTACTGCAA TAGCAGGCTC TCCAAATGTA ACAGCATGTT 5400
 CTCCTATTAA AATAATCTTA CCTGTCGATT CCCCATATCC TTTTCTTGTC ATGTCAATAT 5460
 CACCTTTTAT ATTTATCCTA TACTTGATT CATTATTTTA TTTATTAGTA AAAGACATCA 5520
 35 TATTCTAAGT TGCAATngCAT TCGCGTTAAA TTTCATTGCA GTCTTTATCT CACATTATTC 5580
 ATATTATGTA TAATCTTTAT TTTGAATTTA TATTTGACTT AACTTGATTA GTATAAACT 5640
 AACTTTGTT TACTTCAAAG TTAAATCTT ATCGAGTGAT ATTTCAGATT CTTTATCTTT 5700
 40 TTATAAAATA GCCCTACAAT TTATAATTTT CCACCCTAAC TATAATACTA CAAATAATAA 5760
 TTGGAATATA TAGATTTACT ACTAAAGTAT TAGAACATTT CAATAGAAGG TCGTTTCTTT 5820
 CATAGTCATA CGCATTATAT ATACCCTATT CTCAATCTAT TTAATACGTA AAACATGAAA 5880
 45 TTTTCTTATT AAATTTATTA TTCCATCAT ATCATTACTT TTAATTTAAT GATGTTCAAT 5940
 TTAAATATTA GGTCAATAAC ATATTTATGC TTTTATGGA TACTTCAAAA AATAACAGCC 6000
 50 CCAAACGATA ACTTGAAAGG GGCTGTAAA TATTAACTA TTGCATTGTA TCTATCATTT 6060
 TCTTGTTTCT TTCAATCATT TTATCAAAAT ACGTATCGTA TCTTGCCAT TCTTCTGAG 6120

55

EP 0 786 519 A2

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCTGT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTTCG CAAAATGTAT	6780
20	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGTTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCAATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACCTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATTCCTGT GCTTGTTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
45	ATCAAGTTTT TGCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCCTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
50	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCAITCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

	TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG	8040
	CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT	8100
5	CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT	8160
	TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA	8220
	CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC	8280
10	ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT	8340
	ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG	8400
	AGAACCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT	8460
15	TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG	8520
	AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA	8580
20	AACAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT	8640
	CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG	8700
	CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG	8760
25	ATCAATTCTT TGCGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA	8820
	AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA	8880
	GACGTGATTT GGTAAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT	8940
30	ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGA	9000
	GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT	9060
	ACTTATACA ATTTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA	9120
35	AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT	9180
	AACTACTAAA AATTCGGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAT	9240
40	CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT	9300
	ATTAAATTCT TATAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG	9360
	AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG	9420
45	AAGGTACGCG TGTAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA	9480
	GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA	9540
	GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA	9600
50	TTTCGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA	9660
	AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA	9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCCCTG 9960
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTACAA 10020
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTTnGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTT 10140
 AGCTTC 10146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2022 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTCnTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTCAGTC 60
 GACAAATATG TAACCAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240
 ACATTGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTTC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTTGA AGTGCATAAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420
 AAATfTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480
 TCAACCACAC TAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAATATTT TAAAAATGCT 540
 40 GTTTCCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600
 TTCAATACTG TATTIAAAAT CACTTGGTAT TTTCGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTTcAG 720
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAATTTTT TAAATAnAA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTATATT GaAGTTGTAC TTCTTGACA TATTGTCCTT 840
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTTCTA TCTTTTtATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900
 ATCCCGATTc CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080
 CTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTCCATCT 1200
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380
 ATAACCGGT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTATAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440
 15 TACAAATTTA TTTAAATG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500
 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA 1560
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620
 20 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAA 1740
 TTCATTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAA 1800
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860
 TGTTTCCCAA TGTTTCATCA TTTTcGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTG GATTAACAGA 1920
 TTTATTkTGA GCTTCTCAT TTTGCTTGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC 2022

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 1340 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG 120
 TTGGTGGCTT AATTCAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA 240
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTTGATTA 480
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCCGT CAAATTTTCC 540
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAATTTTC AGATAGTGAC AATGTTACAG 720
 10 AGTTAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTITAGTAC 780
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGTGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCITTTATT 840
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTGTC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACITT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGACTAGATA 1140
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCAAT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200
 CAAGTGATTG AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260
 25 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3365 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300
 TAAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTG 360
 50 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

	TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG	540
	GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTCG	600
5	CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT	660
	CATTCAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTAATAATCA GATGGCGAAA	720
	GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG	780
10	CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA	840
	TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT	900
15	TCTTCAAAC T wGcTTATTTC CGaAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTCATAG	960
	AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaa ATTAAGATAC ACAATGTTGC	1020
	ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAACTA ATAACAGAAA	1080
20	ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA	1140
	GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA	1200
	AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa	1260
25	ATAAATACTA TCmAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTCATGCAA CTAGGTCAAT	1320
	TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA	1380
	ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA	1440
30	TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA	1500
	TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTTCAT AGATACTkTC ksTACGCTAG	1560
	AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGACC	1620
35	AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA	1680
	GATTfTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT	1740
	AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA	1800
40	GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTTTA TGCATCTAAA TTCATATTAT	1860
	TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT	1920
45	TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT	1980
	TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTTAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG	2040
	AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG	2100
50	ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA	2160
	GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC	2220

55

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTG GACGTTGGCC 2460
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640
 AACACAGTTA ATAAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCCGATC TTTTGCTTCT 3000
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTTA 3060
 25 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTca 3240
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTGaa ACTTTCnATG ATATTTTnAA 3300
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTn CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360
 ATTTA 3365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1032 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTAAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACCTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360
 TGTGTACTTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTMTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGgAG CTaaggCTCG TACTACAAAG CAACAAGCTA 720
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGaMaATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAaGGTG 900
 20 AGCGTATTGG TGTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020
 ATTTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 852 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACCT GATTACAACG GCGTTTATCA 60
 AGGTATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180
 40 GTTTTAAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240
 CGAAGTATTT TGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300
 ACGAAAAAAT GGTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360
 45 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGGAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTAAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840
 ACATTAACAC AA 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTTCAA 60
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCTTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATCCCCG TGATAAATTA 240
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420
 TGAGCACTAT CAAAGTGCTT CAAATACCGA TTAAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTTA 480
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCAG TCACGAGATG AACCATAACC 840
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900
 45 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960
 TGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020
 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCATTGAT GATCTTGTA 1080
 50 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAGTTGT 1140

	TTCTTTAGAT AATCCTTGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTAATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
10	AATAGGTTCA TTTTGTAAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAACATA	1500
	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
15	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAAGT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGT GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTG	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTCAGCTTC AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACATTT CCAGTTGCAG GAGGAAGTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATTCT AATTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

GTCTGTAATT ACAAATCAT CTTCTTGACG AAGTAAAGAT TCTAACAAAA CACGAATTGA 3060
 ATAAGGTAAA TTGGAACTT TAGTAATACC TTGCTCTTCT ACAGCTTTTA AATCATAGTA 3120
 5 AGTATAACTT TGGCCATTCA AGTCAAAATG TTTTCTTGAT TGCTCTTTAA AATTGTCAGC 3180
 CATTTAATGA TCCCCCTTGA TACATTTTTA TATTTATATG CCTTGATTAA ATTGTATTAT 3240
 TATATTTATT GATAACAAC TCATCATGCT TAGAAAACGC TTAATTTAGG TTTTGACTTT 3300
 10 TTAATCAGAG TATATAAGCA AACTTATCA TACAGGTAAG GTGTAATAAG TATTTTAT 3360
 TAATTGAGAA TAATTATCAA TTTCGCGAAT GATTCAATTC AATTTTAA CGTATTATTT 3420
 CATTGAGCAG AAAGAAAATT ATGGCACCAA ACTTTAATAT TTTTTCAT GTCATTCCTT 3480
 15 TGATGGGAGT GGGACAGAAA TGATATTTTC GCAAAATTTA TTTCGTGTC CCACCCCAAC 3540
 TTGCATTGTC TGTAGAAATT GGAATCCAA TTTCTCTTGT TTGGGGCCCA TCCCCAATT 3600
 GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCGTGTC CTTCTGTGTT GGGGCCCTCA CCCCACCTCG 3660
 20 CATTGCCTGT AGAATTTCTT TTCGAAATTC TCTGTGTTGG GGCCCTGAC TAGAATTGAA 3720
 AAAAGCTTGT TACAAGCGCA TTTCGTTCA GTCAACTACT GCCAATATAA CTTCGTAGAG 3780
 CATAGAATAT TGATTTATGT CCCAGCCTGA GTTAATTTTC TATAAAAGTA TATTTAATTT 3840
 25 GCGTTTATAC CGTCAAATC CACTTAGCT TTGTCAAACC CCTTCTATT AAGTTTTCAG 3900
 AAATAAACCT ATCTTAAAT ATAAAAAAT CGAGAATTCG TAGTTTAATA ACGAAATTCT 3960
 30 CGTTCTTATC CTTTGAATA TACTCAATTT TCCACAAAA CAAACAAGTA GTATATCTGT 4020
 TCTAGCTACT AGAATGACAT ACTACTGTT ATTAATAATAC TTAATAAAC TTTATTAGTT 4080
 ATCTTTTTTC TCTATATTC TACGTGACTG ACGCTTTTCA AGAATGTCAG ATTCATAATC 4140
 35 TTCTTGTTGA CTCTTGATAT ATTCTGTAA GCGATGTTTA TTCGGAGTCA ATGTTAAACC 4200
 TAGGAATTTA CGTTCCTGGT TCGCATCCTT GTAGAACTT ACCATCATGA GTATGACGAC 4260
 AAAGGAGAAT GGAATGCAC TTATAATTGC AGCACTTGA ATCGCATTTA AAGCTTCAGC 4320
 40 GCCGTTACCG CCACCAGCTA ATAAAAGTAC AAATGCTATT AAGGCCTGTG AAATCCCCA 4380
 AACAACTTTT ACCATACTAG ATGGATTTAA TGAACCAAAT GTTGTTTGCA TTCCTAATAC 4440
 AAATGTTGCT GAGTCAGCAG ATGTAATAAA GAATGATGCA ATTAATAATA ATGCAATCAA 4500
 45 CGATAAAACA ATGCCAATG GCACATGATT AAACACTCCA AATAGCTGTG TTCAGGAGT 4560
 CATATCAAAA ATTTCTTTGT GTTCTTACC TGTCTCGATG CCTAATACAC CAAAGACACT 4620
 50 AAACCAACA AAATAACAA TTGCTGGAAC TAGCAAGACA CCAGAAATGA ACTCTCTAAT 4680
 TGAACGTCCT TTGAAACTC GTGCAATAAA CACTCCAACG AATGGACTCC AACTTAACCA 4740

	TGCTGTATCA AACTATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA	4860
	CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC	4920
5	TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT	4980
	TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG	5040
	AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTGTGAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC	5100
10	GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC	5160
	TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT	5220
	ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT	5280
15	CCCCAATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT	5340
	GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT	5400
20	ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG	5460
	TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG	5520
	AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT	5580
25	TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT	5640
	ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTC	5700
	TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA	5760
30	GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG	5804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 35
- (A) LENGTH: 400 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

	ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTCGACAA TATTTAATTT	60
45	TTTATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG	120
	AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaaTCATT AAATATTCAC TATCGTATTT	180
	GATTATTCTGA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC	240
50	ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT	300
	CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTAAa TCTGAATTTA	360

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

```

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGCA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TAACTTTTA CGGCGGTCTAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTICA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAAAGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG AAAAAAATAG TCAAATGTT GAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGGTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAATCCGT TGAAACTAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTCATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTGTAA CTAAATTTAA 360
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAAA TAGGTCGCGG 420
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAATAC ATGAAaATTA ATTTTCTAAT 480
 15 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540
 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TCGATGTAT AAAATTTTAA 600
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCA TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTCACT TTGAGTCCTT 840
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTCC 900
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGaATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCCTT TTATTCTCCT 60
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

AAAAAAATCT TCGAACATTG AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG 360
 AATTATTATT TAAAATTTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTGATA GAAATCAGCT 480
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATT 660
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTG ATTTTTTTAC 720
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATT CGTTTTTTAT 780
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTGTGGT TGTGTGTAGT 840
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTCTC TTGTGTTTCG CTGATGTATG 900
 20 TCAATACAGC GAATTCCTCA AAGCTAATTG AATATCCTT TTAAATTAAA CTTTTTAATT 960
 TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAACT CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA 1020
 TGTTTAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTGCCCCGA TAATATATG 1080
 25 TATCTAATCT TTATGnAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGA 180
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACAT CAATTCAGAA AAGTATATAA 240
 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300
 45 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420
 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGACTCCGAT GACTATATAA 480
 50 ACAAAGAGAC TTTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

	CACCTGAAGT TACTTTGTTA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
20	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
25	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
45	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

55

TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA 2460
 AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT 2520
 5 TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA 2580
 AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT 2640
 TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA 2700
 10 TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA 2760
 GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA 2820
 AAAGAAATAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAN ATTTAATGGT ATAGATAATT 2880
 15 A 2881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1056 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT 60
 30 ACATATTCCG AATTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCAT AATTTTGTTT TGGATTAGT 120
 AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT 180
 TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA 240
 35 TTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTTG TATTTATCAG GTGGATTAG TTGGAATTT 300
 ATCGAATGTT CCAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG 360
 TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA 420
 40 TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC 480
 CATGAATTTG TAATATATT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTGGAT AATTAAACCT 540
 AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA 600
 45 TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT 660
 TCGCTTGTA TACTACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA 720
 GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGA TACGGCATCA 780
 50 TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAATG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC 840

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTAATACTAA AATTGATGCT 960
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTG TTGTTGCGAA 1020
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180
 ACAAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240
 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420
 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540
 AGTTCTCAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GtKACTTGGT 600
 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780
 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTTGaAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTA 900
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960
 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020
 ATaCATTtTa AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080
 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGcA 1140
 TTGATTACTG AACAAAGTCAT TAAAGATAeT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

	TACCGTCGTT TTATgYGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAra CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGCTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
45	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
	TTTATTTTGT AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCCT TCCCTATCAT	1260
50	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

	ATTTAATTTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTTAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAArArn CTGrACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
	CATGTAATGA TCATTCGTTG CGCagTGCTC CATTITACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
15	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTGTTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCAITTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTITCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCAITCACTG CTGCCATTAA AATTGCOGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTC	2820
45	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCAITTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAc tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360
 TACTAAACAT TTAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420
 TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1631 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

AACATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60
 25 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TG ATTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCAG CAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATGTTTCAA CACTTTTTGA 420
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTG TGGCGACCAC CTGTTTTTCT AATTTGTGCA 480
 TTCAATATC GTTTATCTAA TAGTTGTGA ATATTTTTTG AATGTATAT CTCCCATTA 540
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAATTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGA GGATATAATT GGTTCGAAAA ATGGCTGAAG 720
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840
 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900
 50 TGGGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGGCGTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTCAATAT 960

	CGCCTTTTTT CTCAGTTTTT TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT	1080
	ATTTTGTGA TTTTTCATA TCCTTAATAC GTTGTATTTT ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT	1140
5	GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT	1200
	CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTCGC CTTTCTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT	1260
	CTCTAGCAAA CTTTCTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT	1320
10	ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC	1380
	TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA	1440
	TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTGATGACT TTTTCTTAT	1500
15	CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAaTTTAcA TACCcTaTgA TACATCAATA	1560
	TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTCAGA TGTtTTtTTAA AAgAAGaCCC	1620
20	AATTAnAAAA A	1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6645 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

	CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT	60
	ATTCTTCAAC TGTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTAAAGGAG TGTGCTGCAA	120
35	CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA	180
	ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA	240
	TTTACTTTT TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA	300
40	cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT	360
	AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT	420
45	TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTC GAAACAGTAA TTGTTCCATT	480
	AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT	540
	AGCGCCAAct TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA	600
50	GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA	660
	AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTtATT	720

	TACATTAACT GTCTTAGTTA CTGCTTGCTT AGGTGCTTGC TTAACACTA CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTTGT ACAGGTTGTT TTACTACCTT TTTAGCTTGG CTGCTTTTC TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCGCT TTAGTTTGTT TCACCTTATT TTGAGGCACA AGTGAAATCA CGTCACCAGG	960
	AAAAATTAAA GGTGTTACAC CAGGATTGTA TGAATATAAT TGATTCAACG TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAGCA ATCTTATATA ATGAATCGCC AGCAACTACT GTATAAGTTG TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGTGCT TGAACATTTG ATACATAATT ATGTTGAACA GGTGTTTTTA CTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTGTG GCATGTGCTG CATTATTTAA AGCTAAAAA GCTAACACTG ACGAAACCGT	1200
	CACTGTAAGA GATTTTTTCA TCTTGCTGTC ATTCTTTGTC TGTTAGTATT TTAAGTATGC	1260
15	AAATACTATA GCACAATACA TTTTGTCAAA AGCTATTGTT ATAACGATGT AATCAAATGG	1320
	TTAACAATAT AAAAGAATA CAACCTTTTA TCATAGTGTA AAATGTATTC ATACCATGTA	1380
20	ATTGAGAACG TTTTCAATAA TTAATTCAAT ACCTTGAAAA TCGCCATAGG TAATATTACT	1440
	AAATGCACAC TGCATATGTT GTTTTAACAA ACACAACTTT TAAAAAATAT ATTCTAACTC	1500
	TATCTACCGA ATTGTACTTA AATATTCATA AACAAATCAT ATTCCAAAAT CTAATTTACA	1560
25	ATTTATTTAG CTACCTTTAA AAAAACCAAA AACCGACGCC CTTTGTAGAGC CTCGGTTTTA	1620
	AAATATATAT TAATCGTGCG ACATTGCTG TCTTAAATAT GATTGATAA ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCATCC ATCACTGCAT CAACCTTACC TGTTTCTTCG TTCGTACGAT GATCTTTCAC	1740
30	CATTGAGTAT GGATGGAAAA CATATGATCT AATTTGGCTT CCCCAGCCGA TTTCTTTTTG	1800
	TTCGCCACGA ATTTTCAGCCA TTTCACGTGC CTGCTCTTCC AATTTTAAAT GATATAATTT	1860
	AGACTTTAAC ATTTTCATAG CTGCTTCACG GTTTTTAATT TGAGAACGTT CATTTTGGTT	1920
35	ATTAACAACT ATACCTGAGG GGTGGTGGGT AATTCGTATT GCCGATTCAG TTTTGTAAAT	1980
	ATGCTGACCA CCTGCACCAG AAGCTCTGAA TGTATCAACT GTAATATCAT CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCTCT ATTTTCATCAT TATTAAAATC TGAATAACG TCGCATGATG CAAATGATGT	2100
40	ATGACGACGT CCTGATGAAT CAAATGGAGA AATTCGTACT AGTCGGTGTA CACCTTTTTTC	2160
	AGCTTTTAAA TAACCATAAG CATTATGCCC TTTGATGAGC AATGTTACAC TTTTAATCCC	2220
	CGCTTCATCC CCAGGTAGAT AATCAACAGT TTCAACTTTA AAGCCTTTCT TCTCACAATA	2280
45	ACGTTGATAC ATTCTAAATA GCATATTAGC CCAATCTTGA GACTCCGTGC CACCTGCACC	2340
	AGGATGTAAC TCTAGAATTG CGTTATTGGC ATCGTGAGGC CCATCTAATA ATAATTGCAA	2400
50	TTCGTATTCA TCCACTTTAG CCTTAAAATT AATGACCTCT TGCTCTAAGT CTTCTTTCAT	2460
	TTCTTCATCA AATCTTCTT GTAATAAATC CCAAGTAGCA TCCATGTCAT CTACTTCTGC	2520

	TTGCGCTTTC GTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCCT AATTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCTG TTGATTTCTG ATAATTCCAT AGCATTCTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
15	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGCTTCGCT TCACCAAAC CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGTTAC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAAC TCATTATTTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACAG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATACTTTA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTCAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTIONTGC	4320

TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTACTGTTCAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC 4440
 AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA 4500
 5 TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCATT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT 4560
 AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC 4620
 GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG 4680
 10 CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT 4740
 TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTIAAAT GTACAGCTTT 4800
 CGTTTTTTCA TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC 4860
 15 TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC 4920
 CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC 4980
 TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT 5040
 20 AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCG TCTTACTGTT 5100
 TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG 5160
 AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT 5220
 25 TAAGTATGTT GGCATTGTCG CTGTTAATGT TTIACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT 5280
 ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA 5340
 TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAATAATT TATCTAAATA 5400
 ATCATTTTGC TTTTGTACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT 5460
 ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC 5520
 35 AGCAAGTTTA CCTAACTGTT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA 5580
 TCCCATTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC 5640
 ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTGTAG AATCAATATA AATATATTTA 5700
 40 TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA 5760
 TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC 5820
 TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA 5880
 45 TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA 5940
 ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACCTAATT 6000
 TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT 6060
 50 GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTGTT 6120

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTGCAATTC TTGTAATTCG 6240
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360
 TTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTTGGTAC GTCATTAAAA 6480
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTCCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600
 15 GGnAACTCnT TATTATATTT AACATTTTnA CGCCAATCGT GCAAA 6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7430 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTCCAGC ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360
 TAACATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660
 45 AGCAACGTTA CCAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCAATG 780
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840
 TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

EP 0 786 519 A2

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAACAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
20	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
25	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAACT GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
30	ATTATTCAAG TAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGGGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTGCCCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCAATTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
50	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA	3000
	ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT GGTAAATTCAG GGTGTTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCAGCTT TTTTGATTAC	3540
25	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
	AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTCACTTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTGTGA AAGTTTTCTT CCCCACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TGCCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA	3900
35	GTTAATCCAT AACTTTCGTT TTGGAAACTT ACCTTTTTTC TTGLAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGTTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT	4260
45	TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
50	AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

55

TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTAAATG CTTTGGAAA TCGACAAGA ACTACTGCTG 4620
 CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT 4680
 5 TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG 4740
 TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA 4800
 AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA 4860
 10 TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC 4920
 TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCACG CGTTGCTTCC 4980
 AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA 5040
 15 TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG 5100
 TATCCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTMTTAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA 5160
 TAGTATTGAC TCGGCCAGCA AGTGTCTGAC TCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTTGCAT 5220
 20 ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG 5280
 TAACTGCACC AAGTTTTTGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT 5340
 GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC 5400
 25 CTTGATTGAG TCGGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTGTAA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT 5460
 TATTTTCTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA 5520
 TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAAYCG 5580
 TTTCACTTTC GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA 5640
 TGTCAGGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC 5700
 35 CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA 5760
 ATTCTTTTAC CTACCTTTCTG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT 5820
 AATTTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTTAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT 5880
 40 CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA 5940
 TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACACA CTTGATGATA 6000
 TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA 6060
 45 GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA 6120
 ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATT GAGTTTATTT 6180
 TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT 6240
 50 TTTCTGGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAGT AAAGAGATAG 6300

TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480
 5 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAAATAATT AACTTACTTT TGTAAAAAAA GACATGAGAT 6540
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600
 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660
 10 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCACGCTC GGTGTTGTAA 7020
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTACTCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260
 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320
 30 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60
 ATTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTAATAAT TTATTTCTA 120
 50 TAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGaknAAAAT AATTTCACGC CTTTGGTGT 300

55

AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT 420
 AAAGGTTTCGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC 480
 5 AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT 540
 AACCCTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG 600
 CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT 660
 10 TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC 720
 AATTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT 780
 15 ACAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAG GATAATAATG 840
 AAGTGCCTAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA 900
 TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA 960
 20 TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA 1020
 TTATTTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA 1080
 AaAATCATT ATGGTGAGGG CTTCATGAAT GATTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT 1140
 25 AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCCTTT TTCACATATA 1200
 TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTATGATT GTTCTAATCA 1260
 AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC 1320
 30 CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA 1380
 TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA 1440
 35 TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTGTCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA 1500
 AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC 1560
 CAATACTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG 1620
 40 ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC 1680
 CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT 1740
 CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG 1800
 45 CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA 1860
 CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA 1920
 CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC 1980
 50 CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG 2040
 TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT 2100

55

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA	2220
	AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCATA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTCATTTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAATAAT GGCATTACGC	2400
10	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTGTCTTCT	2460
	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACATCTT CTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAATCAA	2580
15	TCCATTTCTC TATGTATTCG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
	TTCCCTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTTCTTCTT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
30	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
	GTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTAAAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAATAAT GATAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAACTTAT GAATATACTC	3720
50	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
	TTTTACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
55	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080
 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1145 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60
 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTTATAGAA GAAATGAAAC 120
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCCTC ATAAGATGCA 180
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGAGTATGA TAGAAATCGC 240
 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CytCGTATGA GTTCTTGATT 360
 GGCACAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420
 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480
 GGTAAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540
 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660
 GACATATCTT TTTGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720
 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900
 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTT TTGATTGTCC ACCTGTGCT 960
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020
 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTT TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAAC TA 1080
 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140
 TAATT 1145

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACGAGT TCTTAAAATT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
15	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
	GCACCTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATAYyyg TCCTTCCCGA TAAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTGGAAGT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCAAT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTTG TTTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC	660
30	GGACTAAATC AAACCTGTAA ACTGCATTCA TTAAAAAGAT TGTTCATCT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
35	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA	840
	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AAATATTTTC TTATTACAG	900
	ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTCGGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
	TCTGCTATCT TGTGCATTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
50	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTTCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
10	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTGAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGTACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAAGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTACAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
30	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGTTTCA ATTGCTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGATCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTGATGTTT ACCGACAATC	3120
50	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GCGGTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA 3360
 TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA 3420
 5 AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT 3480
 AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA 3540
 10 TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC 3600
 CCAACGATT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA 3660
 TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC 3720
 15 GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT 3780
 CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG 3840
 CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG 3900
 20 CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT 3960
 GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCAATCAT GCCACTATAT AATGCAAATG 4020
 AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACCTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT 4080
 25 TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA 4140
 TGTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG 4200
 CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA 4260
 30 TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT 4320
 CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAAGTGTTC 4380
 35 TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA 4440
 CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA 4500
 TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCAAC SCCAACACCC TCAAATAAAT 4560
 40 GTGTCACTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT 4620
 AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT 4680
 GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC 4740
 45 ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT 4800
 AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTGTTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA 4860
 TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT 4920
 50 AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA 4980
 AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT 5040

55

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

TGATATGTTG TATATGCCAC TCGTTTTAAA CCATAAGCAT CTTGCAATAC TTTTAGAGGT 5160
 ACAACAGATT GAATCGTAGA GCAGTTTGA TTGGCAATGA TACCTCTGT AAATGTAGGT 5220
 TCATTGACTT CCGGAACGAT TAAATCAATA TCTTCTGCCA TACGCCATTG ACTTGAATTG 5280
 TCTATAACGA TTGCACCAGC TTTTCAAAA AGTGGGGCAA AGTGTTCGCT TGTACCGCCA 5340
 CCAGCACTCA TTAATACATA ATCGAAATGT TCACTTGAC GAGCATCAGT TAATTCTTGA 5400
 ACTGTATATG TTTTTCCTTG AAATCAACT TCTTGCCCTG CAGAACGTGC TGATGAAAAT 5460
 AATACTAATT CATCGAAAGG AATATTTTGA CGATTTAATG TCTCCAACAT TTTGTACCT 5520
 ACTAATCCTG TTGCACCCAC AACTGCTAAC TTTGTCTATA CTTGTCACTC CATTTTATAA 5580
 TAATTTCCaA TTTTLAGAAT ATTTTAACAA TCATTTTACC ATTAAATGTT AAATGCGTCA 5640
 TATAGTTTTT CTACCGCTTG TTGCCCATTA AAATCATCAA TGACGTATGA AATACTTATT 5700
 TCAGATGTTG TTGTTTGGTA GAAAGGTATA TTATTTTCAA TTAATGTCAA AAATGCTTTT 5760
 GATGCCACAC CTGACATATC ACGCATGCCT GAGCCAATTA ATGAAATTTT GACATAATGC 5820
 TCATTGATTT TATAAGCTAA TGCTTCATAT TGATTCTTTA ATGTTTCAAG AATCATAGAA 5880
 ATTTGATGAA AATCACTATC TTTAATCGTG AAGGATAGTT GTAGCCCATC CAAGTTGACC 5940
 ATTTGTGAAA TCATATCAAC ATTTACAGCA CCTTCTTCAA GTTCCGTAAA TAGTTGGGTA 6000
 AGTAGCTGAT TGTCAGGTAG GGGATAACTA ATTGTTACAT GCATCATATG TTTATCCAAA 6060
 GCCACACCAG TAACTGCTTT TTTCTCTAAT ATTTCTTCAT TTGACATAAT CCATGTTCTT 6120
 TTCACGTTTC ATAAAGTTTT TCCTAAATAT AAAGGGATAT TATAGTTTTT AGCTAATTCA 6180
 ACACCTCTTG TTTCAAGTAC ACCAGCACCT AAAGCGCTCA TTTCCATCAT TTCTTCATAT 6240
 GAGACGATGT CTAGTCGTTT AGCCTTTGGT AAAAGTCTTG GGTCAGTGGC ATACACACCA 6300
 TCAACGTCGG TATAAATTTT ACAAGGTATT TGATTACTAA CAGCAAGTGC CACAGCGGTC 6360
 GTATCAGAAC CACCTCTGCC TAAAGTTGTT AATTCCTGAT GTTCATTGAT GCCTTGAAAT 6420
 CCAGCAACTA CTAATAATAT GTTTTCTTGA AAGGCTTGTT CAAATGTTTG AGGATTAATT 6480
 TGAGCAATTT TACTTTTTAA ATGATGGCCA ATGTTTAA TACCCGCTTG ATAGCCAGTC 6540
 ATTGCTTTGG CATTCATACC GATATCATTT AATACCATTG ATAAATAAGA TACAGTTTGT 6600
 TGCTCTCCGG TTGTCAATAA TAATGCCAGT TCTTGTGTT TTGGTGCTTT AGTCAAGGTT 6660
 GATACATTCTG TCATTAATTG ATCTGTTGTG TTACCCATAG CACTTACAAC GACAATTAAa 6720
 TTGTTTCTCT TGATTGACTC GCTCCTTTAA CATTTTACGG ATCCTTTTTA TTTTGTAAA 6780
 ATCACTGACG GATGATCCGC CAAATTTCAA CACACTTCTT GTTACCATAT AATCCTCCTA 6840

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCCGGCATC GCACCCCTTTC 7020
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAA ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60
 20 TGAACCTGAT TGA CTAGTAC TTTGTGATAA TGA CTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGA CTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACCTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGACTTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420
 30 GCTTGTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGCTACTTAA 540
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600
 GCTTCCTGAT GTACTCATA TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCCGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780
 CACTAAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900
 45 AGATAACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACCT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTGTGTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080
 50 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGAT 1320
 TTGTTATTTG CTGGTTCAGT AGACACAAC TCACTGTTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT 1380
 5 GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCACTATCG TAACTTAATC CGCTGGTAA TCCTGTAAC 1440
 GTATTTGTCA CAGTCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT 1500
 TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA 1560
 10 TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTCGTC ATTTTACAG TTTTATTTGT ATCATTATAA 1620
 GTTGACGCAT ATGAACATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT 1680
 15 TGCTGATTAT CGATTGTAC GACTTGATCA ACATTTCTG AATATGTTTT TGGTGGAATA 1740
 ATATCTTTAC CTGTTGTAC ATCAACGTAT CTCATTGTG TAAACAGCAGA CTCTGTATAT 1800
 TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAA TTTGTGCGC CACCTGTTGA GGCTGTCATT 1860
 20 GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT 1920
 GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA 1980
 TCTTGGAACG TGTTATTTGT AGGTTGACA TTTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA 2040
 25 CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA 2100
 CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT 2160
 GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT 2220
 30 GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAA ACCGATACCA 2280
 TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTAATTTTCC AGAAAAATGA 2340
 35 AAATCTTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA 2400
 TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC 2460
 ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAAC GTAAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC 2520
 40 GTCGCTGCTG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCAAG TTTTACTGGT 2580
 GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTTG TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT 2640
 TGTGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA 2700
 45 CTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATCTT TGAGGATGTT 2760
 GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTGTG TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG 2820
 ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA 2880
 50 TTTTCGTTA CACTTGTTGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTGT CGTTGAGTTT 2940
 TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC 3000

	GTITTCAGTC	CGTATCCCGT	CATTTTTTTT	CTAATGCTTT	GATTATCTTG	ACTCACTAAA	3120
	CTATGACTAA	TAAATGGTAG	CCCCATAATT	TTGAACATTT	CTATTTCTTT	AATTCCGGAT	3180
5	TTTACCCAAT	TTTTTCCAGA	TTTATAAAGT	CTTACTCTTG	TTTTTTCGTT	TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG	CTTTCTGTCT	TTTACTCATG	TAATAACTCC	TTGTATTATC	TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA	ATATATGCCA	CTATTCAATT	TAATACAAC	CTTTTTTGAT	ACAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT	AAAATTTGTA	AAAATTCaTT	TTTATTCGTC	TAAATGTAAT	CGTTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAAT	TACTTTTTCT	CGTTTATGCG	TATAATCTTT	TTTTATATAA	ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT	GTTTAATCAT	TATAATTGTT	TCGTTTTTAA	AATAATTATT	GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA	TCCACCTTTT	ATTTATAAAT	AGTTAATTTA	CAACTAAACG	ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT	ACATCTTTAA	TATTAAAGTA	ATACCAATAT	TTTTTCAATA	AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG	TAATTCTAAA	AGATTCTTCT	TTAAAAATAT	AAATACCACG	ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT	CATTTATAAA	GCGAAAAAAT	GCATCGCTAC	TAAGTTGAAT	GTTTAGTAAG	3780
	GATGCATTGA	ATTCACATAA	ATGATTAAAT	TACTTATATC	TTTTCATCTG	ATTGATTATC	3840
25	GAAATTTCTT	CCTTCTAAAC	CTGCTAACTC	TTCTTTAGAA	GCTGCAGGTG	CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA	TTCACTACTG	TGTAATCGTA	ATATCCTAAT	CTGGCAATAG	GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC	AATTTACCAT	TATCAAGAAT	AACCTTATCG	TCAATATGAA	CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA	ACAATATCTA	CGGTAGATAC	TGGATCTCCA	GTTGGAATAC	GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA	CATTCAAAAT	GAACTGGCGA	TTCTTTTACA	CGATATCCTG	GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTC	TTTGTTACAC	CTGCAAAATT	AAATTCATCC	TCTTCTGGTG	GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA	TTAACTGCTT	CTCTTAAATC	ATACGTTGCC	ATATTCCACA	CAAACCAACC	4260
	TGTCTCTTCA	GCATTTTTC	CTGTATCTTT	ACGTTCTGTA	TCACCAAGAA	CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC	ATAACCATAG	GCGGATCCCA	AGTTAAGTTT	TGATACTGAC	TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT	TTCCCATCTT	TCGATACAGT	AGAGATCCAC	CCTATTGGAC	GTGGTACTGT	4440
45	ACTACTTTTA	AATGGGTCGT	GCGGTAAACC	ATGACTTCTT	ACACCTTGTT	TTGGCGAATA	4500
	ATTCATACTA	TCTTCACCCC	TTATAAGTAA	TTACATTTAA	GGTTACGCCC	TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT	ATAAATAAAC	AATTTATTTA	TAAGTAGAAA	CTATATATGA	CGTGGTTGCT	4620
50	TATAATTTGC	GTTCTTGATT	CGAAAAATTC	AGATAAGGAT	TTATACAATT	AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG	TAAATTTAAT	TAATTATAGT	TACTTCAATC	ATGATTAGTT	TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT	GAAAAAGACA	GCTATTATGC	GATGAGCGAA	AACTTCAAG	TAAAACAAGA	4800

55

	TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA	4920
	GTTACAATCT TTGATTAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT	4980
5	TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA	5040
	AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA	5100
	AAGATGATGT TTCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTAAATTCG GGATACTAAT	5160
10	GTATTTCCAT C	5171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3589 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

	CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTTAATA	60
25	GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT	120
	ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG	180
	GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT	240
30	TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATTCCAAT TACTGTGATT	300
	TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG	360
	GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT	420
35	TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT	480
	TTCCATCCTG CCAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC	540
40	GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT	600
	GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTCGACG TGTGAAAAAA	660
	GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC	720
45	TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTTCG	780
	AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA	840
	TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA	900
50	TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG	960
	TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTTGTAT TAAATTTCAA	1020

	ATTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAACT	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATT AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG	1260
	TTTGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT	1320
10	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCCtG TCGGTCACC ATCATCATT GCnTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCATTATA	1800
	CACTGAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTAA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
30	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTGCGA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTACGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTA T AAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATT AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTA A AAAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTCCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
50	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTGGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

55

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAACT TCTGTCAGAG 3180
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT ACACCTGGTG TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360
 15 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAAACATA CGTCCATAGC 3420
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATT CGATGTCATT 3480
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTTGTTATC 3540
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAg TGGTGCgAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60
 35 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120
 AAATAAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360
 45 TTTAGTAAAC GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAC 480
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGCCAC ATTTACAGCT GTTGACAGTAA AAGCACCTGG 540
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840
 5 AgTAgGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCAATTATC ATTTCAACTA 120
 25 TTTCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGGTT 540
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTGACG GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTCAGAAA 780
 45 GATTAAATGC TATTCAGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAAAAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTGAAAGCA 1200
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260
 5 ATAAAATCTT ATTAAGAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAT ATTCAATTAC 1380
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGCnG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGCnT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300
 30 TAGCCATTG ACGATTCAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAA 600
 40 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTATTTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660
 CTGAGTTTTT TTCCATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTCGAATG 780
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTGG TTCATCTTGA CGATTGCTT 960
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAATGAGG	AtCTGTTGCA	ACAGTTAATT	GATTAATATC	ATTACTTTTA	ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC	TTTGACACCA	TCATTAATCA	AAC TACTTGT	GTCTTGC GCA	ACTTG GTTAT	1260
5	CGTAATCTGT	TAAATTAATG	TGTTCTGCTA	ACGGTTTTTT	CAAATTATAT	TCATTTTAT	1320
	AACGTTTTGC	TTCTTTGACA	ATTGCTTCGT	ATTTATTAGC	TTCATCCTCA	TTTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA	GTCTTGTTTA	GACATGTTAT	AGATAAATGT	TGTATCTGTA	TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC	ATCATGAAGT	TGTTTCTCTA	AGTTTTCAGC	GAATTGAGCA	TTGTTCA TTT	1500
	TAATGCTATT	TAGCGCATCT	TGTAAGTCTT	TGTTATTTGC	AAGCTCATCT	TGCAGTGATT	1560
	CTGTTAATTG	CTTACGATAN	TCTTCAATCA	TACCTTTTGA	AAATGGTGAC	TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT	TCCTTAATTTA	TCTAAGTTTT	CTTTAACAGT	TTGTTTATAT	TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG	CATACTTGAT	TGTTGATCAA	TTTGGCTGTC	CATCTGTTTT	AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC	AAGTTCACG	CTATCTTTTT	GCGATTTATA	ATCTTGTAAC	ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT	GTGCTCGTCA	AATAATGAAT	TTTGTTTTTC	AATTAAAGTC	GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT	CACTCTGAAC	G TATCTGAAT	TCGCACTCAA	TAATGATTTA	TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT	TGTAATGTCT	TTGTTTGCAG	AAATTGAATT	TACAAGCGTA	TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA	GTCTTAATTT	GGATTTAATA	AGTAATTCGA	GAATTTACTA	TTACACCCAT	2040
	GTTACGCGT	CATAATAGCG	CCAACATTTT	TTTGTGCATT	ATGTAAATTA	TCAATGATGC	2100
30	TTGTTAAATA	AATTTGACT	AAGTTTTTGT	TAAAGTCGTT	AAGTACATTA	CTTACAACCTT	2160
	TTTCTGTGTT	TTTAGCTACT	TCTTCTTTTT	GTCCTACAGC	TGTTTTATAC	TGTAGCGATA	2220
	TTTTCGATGG	TGTTTTAGCG	TCTAATTGCA	TTGCCAATTT	TGAAAAGTTT	TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC	TTGGTATCCA	CCATTTTTCA	AACCAGACTC	AGCAACGTTT	CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAATTT	ATAGTTTTTC	TCATTTGCTA	ACCTTTTAAT	AAATGCTTGA	CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC	GTTATATGTC	GTTGGTTGAT	CCTCGTTAAC	AATTGCGATA	TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT	ACTTACACTT	TGGGATCCTT	TTTCTGATTG	ATCTCCATAT	TTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT	CATACTAACT	ATGGCAATTA	TAATAATTAA	AGTGACAATT	AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT	CTTTTTCATG	CTTATTTCTT	TTTCAAGTTT	TTCTTAAAAA	AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT	TAGAAAATGT	GACTTTGCCA	ATTTTCAAGT	GCTTATTGCA	AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT	TGTTGGTCTT	GTTCTTGAAC	GGCATCAGCA	GTGCTATTCA	ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT	AATAATTGTG	CAAATTTTTT	TACTTTAGGA	CTAAGTTGTT	GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG	CTGAAAGCTT	GACCTTCCCA	GTTGCTGCA	ATTTACCTT	GTGCACGKGT	2880

55

	TCTGATTTC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GATATAGTt	TTTAAAGTAT	TTTtagCTTT	TTTAAAATAA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTAAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACCTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
15	GAATAAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTCACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA	60
TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT	120
AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCTTA TTTAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT	180
TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTTTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA	240
AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAACAA GGAATGCTTA	300
CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTATAA AATGCTGGAC	360
AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCMATATT AATCATATCT TGTTCGAAG	420
CAGGCTTAGG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA	480
TCGTAAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT	540
CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTAGTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTG	600
TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT	660
CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG	720
ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA	780
TATAATCTGk TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTGTGTGTT	840
TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT	900
CTTGTTGAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTG GGTTCAAAAT	960
AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA	1020
ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT	1080
CGTGTAATTT GATATCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC	1140
GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA	1200
TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTGTGA GCAACGACTA	1260
CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTTCTTTA TTGCTCAAAC	1320
CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTCTTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA	1380

CCAATATAAA TTTTGGACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500
 TAGTACTCGT TTTAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACGCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGGAG TCAAACTACT ATTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860
 TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTTATTA 1920
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980
 CAGTtGGKAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2244 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTAAAAA GATAGTGTAT 120
 GATTTTCTGG TGTTTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240
 CGTAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300
 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360
 40 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420
 AGAGATCGCG CTGATTTCTG GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540
 GCAAGTTTAA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAAAC ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780

ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTTTGA ATAATAGGAC 900
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960
 5 TTTTCAAACA TGTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020
 CAGCAAAGAA ACAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTTACAT GCATTATTAG 1320
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440
 20 CTAAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGGAAATCCAA 1560
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAAA TACTTTGTGT 1680
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740
 CTCGGACATA CTAAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTTCATT 1800
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAATCCCaCC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980
 35 GTTTTTTAT CATTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTGTA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040
 ATTTCATCTC TTACACGTTG GAACCTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160
 AATGTAACAA CTAAATTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220
 GATTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1371 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACCTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660
 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6035 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

EP 0 786 519 A2

	CGTAAAcCTA	TGCGTTTTAA	TATTCTGAAG	TTACTTAGTT	CATCCTCAGT	TTCATCCATT	120
	TGTTTTAATAT	AAATAATACA	TCCAGCTGCT	ACTAAAAATG	CTAATCCTAA	AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA	GAATACCGTT	AGTAGCATcG	ACCTCTTTTT	TCATTTTCATC	ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC	CAAACGTGTT	TGCAATTGCT	TGAGCTTTTT	CCTTTTGTGA	TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC	CATAAAAAGT	ATGAACGTTA	TTTTGTGTTT	TCAACTGCTG	ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT	CGATGACAGG	TGAGTTGAAG	CTTAGATTTA	AAGGATAAAC	CTTACCTTTG	420
	TCTTCTTG TG	TACACGGAAA	GTTTCATTCT	TAGTACCTTT	TACTACTAAA	TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT	AATAATGTTA	GGCAGCGATT	TTGTATTTGT	AATGATGGCA	TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT	ATTTGCACCT	AAAATAGAAT	TCGTGCGACC	TGAATCACTA	CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC	CTGATCATTa	ACATTATCTA	CAGTAATAGT	TTCGTAAGCA	TTTTTAGAAA	660
20	ATGTAATTTG	TTGTTGGCCT	AGTTTAGTTT	CAAATTGTTT	AGCATCTTGA	GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC	ATTTGGTGCC	ATAGATGTAA	GGGTTTGATC	TGTATTTGAT	TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA	CAATACAGTT	ACTGTAAC TG	CAGAAATAAT	TGCAATGATA	GTTAAAGACA	840
25	TGGCATT TTTT	CTTCATTCTG	TACATAATAG	ACGATGTGAA	TACAACATCG	GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT	TTTTGATTTT	TTCAATGTTT	TAAAAATAAG	TGACACGGAA	CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC	GCCTACAACC	GTTAAAAATA	AAATGATAAA	CGGTGATGTC	ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT	GAACGTACCA	AACATTCTCT	TCGCCATATA	ATAGCCTAGT	GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA	TACGCCTGAA	ATAACCTCTG	CAGTCGTTAC	TTTAGCAGTT	GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA	ATCTTTTCATC	ATTGATAAGA	TACTACGTCT	TTTTAGAAAT	AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT	CAGTACATAC	GCAATAATTA	GCATGAAAAT	AGTTAAAACA	AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG	TATCGATAAG	TTAATCGATA	ACGACATCAA	TTTAGATACT	ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC	ACCTGCAATG	CCACATAATA	CACCGACAAC	ACCTGTGATT	AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc	AAGTGCTAAC	ATTInCAAAA	TGTTTTGTCTG	TGTTAAACCA	ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA	TTACAGTGTA	CGGCGTTTTA	CGrmTAAATG	ATTGGCATAc	ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT	GATAAATAAA	AATATTGATC	CGACTAAAGC	ACCTTTCTTA	ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC	ATTATTTTACA	CCTTTAGTAA	ACTGTAAGGT	TGTAAAACTG	AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA	AAATAATGAA	AATAAATACA	TTGCATAATG	TTTTAAGTTT	TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC	GATATGGTTA	AATGTCATTT	GAGACACCAC	CTAATACTGA	TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT	CATAAAAGGC	CTGTTTAGAA	CGTCCTTCCT	GATAAAGTTG	TGTATGAATT	1800

55

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTGTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCTGTA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCCGT TAGCAATCCG CTACCGCTAG	2280
	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
15	CCATAATCGC AACGAATTCT CTTTTTGTGA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTGCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTTTG TATTTAATTT CATTMTAAAT AATGTTTGGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAACCTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTTCACT GATTTTTAAT	3120
	TTATTAGGTA TTGTTTTCCG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAAATGGG TATCGTCTTT	3180
40	ATTTGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCTT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCCA	3600

55

EP 0 786 519 A2

	AATGATCATT	TTCGAATTTT	TGAACATAGA	AAATATCCTT	GTCTTCGTTG	TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT	ACCACTGATA	TCAGTAATTG	GTTGTGTATG	CTCAGATGAA	GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG	AGGTAAGTCT	CCAAAGCCAA	CATCAGTTAC	ATAGAATACA	TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG	TGAAGCATGT	GAACCGTTCA	GACTACGACC	GCCACCGGGw	GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT	TAATTCAGGA	TTAAATCCTT	TTTGTGTAA	ATAGGCTTTG	AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA	ACAAAAACCA	CCACGTTTAT	CATGAACAAT	TTTATTAAAA	AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA	TATCGGCTTA	CTATTTTGAA	CATCAATATT	TTCAAAAGGT	ACAGTTAACA	4080
	TAAAACGTGT	TGCATAATAA	TTTAATGCTT	CAATACTCGG	TCGATTATAA	CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA	ATAATTCTCT	AACTTCGCAA	TATTCATAAG	CATAGCGCCT	CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT	TAAATTTTAA	ACAGAAATAC	TGAAATTTTA	AATTCGAAAG	CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA	CATTTTAAAT	AGAAAAATAC	GCTCTCAAAA	TGAAGTCATC	TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA	GATGACTACT	GAGAGCGTAG	CATAATGGAA	GAAGTGTGCA	GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA	ATACAAAGGT	AGTTGCAAGA	CAAGTTGCCT	TATCTAGACC	ATTTGTGTTT	4440
25	TATGCGACCA	AACTTCCAAA	TTAAACTTGA	AATAAGCCAA	GTAATTAAAA	ATAATGCAAC	4500
	TAAATATAG	CCTAAATAAT	CAAATTCGAT	CGAACCAATG	AATGCCCAAA	ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC	TTATCAGCAA	GAATTTGTAG	CAATTCAATC	ATCCCAATCA	CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT	ATCGCAGTAA	TCGTTATATT	GTAATAGATT	TTGCGAATAG	GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA	TAGGCATACT	TCATTACAAC	ACCATCTAAT	GTATCCAATA	AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT	AAAATTGGTA	AAGATAAGAT	TCCGATAAAT	GAAATGGCTT	GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA	AGAGCGAGTA	ACGCAATTTT	ACTAGCTGTA	TCAAAACCAA	GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT	GGCAATACGT	GCCAACTACG	CGTGATTAAT	TTGAAATAAG	GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC	AATCCTCTAG	ATTCAAGTAA	TGCATCGACT	TCAGCTTCTT	CAATGTGTTT	4980
	ACGACGTAAT	TTAGCGAACA	AGTTAATTAA	AGAGATTAAA	ATAATTAGAT	TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT	AAAAAGAAAC	CTGAAACTAG	TGTACCAATC	GTTCCACCAA	TATCTTGGAA	5100
45	ATGCGGTAAT	TCATCTTTAG	CCCATTTTAC	AGATACCCCT	AAAAAAACAG	CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT	GAATGTCCAA	TTGAAAAATA	GAAACCCACA	CCAGATGGAT	CTTTGCGTTG	5220
	CTGTAATAAT	TTGCGaACCG	TATTATCTAT	TGCAGCAATG	TGATCTGCAT	CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT	AATGTATATG	CAAGAATCCC	CaTACCAAAT	AAGATATGAT	GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT	AAAAAACTAA	ACCCAATAAC	GTGTAACAAA	ATGACAATAG	CTATGTATGG	5400

55

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTC TATAACAAAA 5520
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTTACcAGTT 5700
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880
 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAGCT TGTTc 6035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1039 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60
 TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTtagA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420
 AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540
 ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTACCCTC 660
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720
 AAAAAATATGT TCAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT 900
 TGATTGCGCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1496 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60
 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATamaCAAC 240
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480
 TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT 660
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720
 40 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACTTCTG GTTTAGATTG AATCGTACTT GGAGAAACTC 840
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTGGAA TTACTIONAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380
 TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGGTT TAGTTGATGC AAACCTACGT GAGCGACAAT 1440
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4826 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCatt TGantGTGCG AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60
 GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA 180
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAT ACATATGGGA 300
 30 AATAAATTC ATGAATACCA CTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAACCT GGTCCAGGGT 420
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TAAAAATAC AATTTTGTCA GGCTCTACTA 540
 AAATACTTAC AAGTGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600
 TATGCATAAT AAATTCATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTC AAAACCTTGC GCGGTTCTAG 720
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780
 45 CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC 960
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACAG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

EP 0 786 519 A2

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTCAATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
	AATAAATATT TGTATTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
10	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
	TAAGATCGCC AGAAATGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
15	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGAATGTGT GGTATATTG	1800
	GCTATGATAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACCTCT CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTTACA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
	TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
35	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTTGGTGAA GGTTCATG	2340
	TTATGTCATC AGACGCACTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
40	TTGTAGAACG TGAATCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAAGTTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

55

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATT CTTATCGGAC	3180
	GTA CTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTC ATGTACATGA ATTGTTAACC CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCACTAT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTATAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAGTGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGC ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800

TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 4846 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

15	GAATAAAAAG TAAATTA	CGCCTTTGTT	ACCTTTTACT	TTATCAATaA	AATCAGTTGC	60
	TTTTTCTTTT	GCATTTTCAA	CGAATTCTTT	CGCTTTACCA	GAAGCTTTAT	120
20	TTCTGTTTTCT	AAATTTTTAT	TATCAGTAAC	ATTACCTACT	GTTTCTTTAA	180
	TGCTTGTTCA	AATTTACTTT	CGTCTGCCAT	AATAAATGCC	TCCTCGGAAT	240
	TATATATAAT	ACTTACCCAC	TGAAAAATTA	TCTAAACATT	TTACTTAAAT	300
25	ATTGATTTGA	CGTCATTTTA	TAACTAGCGA	AATAGATTCA	TCATTAACCT	360
	GACTGAAATA	ATAAAGAATC	ACTAATGATT	TATGATGTAT	TAGTCACTAG	420
	TTAAAAATAA	GAATAAATGA	GTAGCACGCA	TGCATATAGG	ATTTTACTTT	480
30	GCATCTCATT	CCTAAATATC	ATATAAATAC	CTGTTTAAAT	TAAAAAGCCC	540
	CGTTACTGAG	CCATTAATAT	GATTTATTTA	GCAGGAATAA	CTGCACCATT	600
	TTAATGAAGT	CTTGAATATC	TTTAGATTGT	AATACTCAA	TTAATGCTTT	660
35	TCATCTTGAT	GTCCTTCTTT	AACAGCAATT	AAGTTTGCAT	AAGGATTATC	720
	TCTACAGCAA	TAGAATCTTT	TTTAGGATTT	AGTTTTTGTT	CGATTGCAAA	780
	ATGATAACAG	CATCAGCGTC	TTCATTTTGA	TAAATTTTAG	GTAAGAATTC	840
40	TTATTATTAA	ACTTAATATC	TTTTTTATTC	TCTGTAATAT	CACTAAACTT	900
	ATTTTTACGC	CTTTTTTGAT	TTTAATTAAA	CCTGCATCAA	CGAAGAATTT	960
45	CCTTGTTTCA	CTGGATTATT	AGACACATAG	ACTGTTGCAC	CTTTTGGTAA	1020
	CTTTTATACT	TTTAGAGTA	TACAGCCATA	GGTTCTAAGT	GAACATCACC	1080
	ATTTTGTAAC	CTTTATCCTT	TTTCTCTGTG	TTTAAATATG	GTGTATGTTG	1140
50	GCGTCAATTT	CACCTTTGTC	TAGTAATTTA	TTAGGTGTAG	TGTAATCGTT	1200
	ATATCTAGTT	CATAACCTTT	TTTCTCTAAT	AATGGTTTTG	CTTTTTCTAA	1260

EP 0 786 519 A2

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTCTTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCAATTCAT TTATAATTC ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTGAAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCAAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCTCTAA TTTTGTAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTCTCTG TTGTTTGGCG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCCA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAAAC	2820
45	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCCTCCCTG	TGTTGCTTAA	TAAAATAAAA	AATGCTTTCT	CAATATCGAT	AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT	AGTAGTATTG	TTTCTCTCAT	CTTCAAAAGT	TAAAACTTTA	TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTCTT	ATATAAGACG	GTTGCCGGGC	TTCGTAGGGC	ACATCCCTCC	ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT	ACGCATCATT	TAATTTGTAT	TAATCCTAAC	ACCTTAGTAA	AATTTCTGTC	3360
	ATAACTATTT	TAAATTTTCT	AACAAATCAG	TCACCGATTT	AAATGCATAA	ATTCGTTTAA	3420
10	CTTCTTTATC	TTTATTCATC	AACAATAAAA	TCGGCGTAGA	CATGATTTGC	ATATCTTTAC	3480
	AAAAGTGAGG	ATAAAAGTTT	AAATCTATTT	TCAATAATGG	TAAGTCAAT	ATTTCAATTAG	3540
15	CAATGTCTAA	CATTCTTTCT	GaAACCTTAC	AAGTACCACA	CGTTGGTGTA	TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT	GTCTTCCTCA	TAAAATGTAG	TTACATCTTT	GATGTCTAAT	GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA	CTAACCTTTC	ATTATTTATA	TTCGGTAAAA	GAGGTGTTTC	TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT	GTTTTGAAAG	TACATGCGCC	AAATATTGTT	TGGGGCAATT	CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT	TATCAATAAA	TATATGTTCA	CTTTCCTCA	AATAACGTTT	AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT	CTCCTTCGTC	ATCAGAATCG	GCTAATACAA	AAACTTGTTT	ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA	TATCATCAAG	CTTATCTATA	CTCATTGTTC	CATGAGTACA	AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG	CAATAACCTG	TTGCACCCCT	TTTTTATCAG	ATTTTCCTTC	AACAATTATC	4020
	ACTTTATTTA	CAATAGCCAT	CATCATCACC	CTTTAAAATC	AATAAACATC	TGTCACTGTA	4080
30	TCATTTTACA	AAATGGTAT	GAATAAAACA	TAAATCACAA	AAAATTTAAA	CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA	CAAACTCAAT	GTTTGACTAG	CTGGAACATT	TAACATAAGC	AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA	ATCAACATCC	TAAAATCTAC	AATGTTATAT	TAACAATAGT	TAACCAAAG	4260
35	AAAATACACC	TATAACAAAC	TTTTCAATTA	TAGCGGGGCC	CCAACACAGA	AGCTGATGGT	4320
	AAGTĒAGCTT	ACAATAATGT	GCAAGTTGGC	GGGGCCCCAA	CATAAAGAAA	TACTTTTTCT	4380
40	TTAGAAATTA	GTATTTCTTA	TGCATGAGTT	TTACTCATGT	ATTCCTATTT	TTAAATACAC	4440
	ATTAGCTGTG	GCTTATGAAA	ACAGGCTGGG	ACATAAATCA	ATGTTCTATG	CTCTACGAag	4500
	TTATATTGGC	AGTAGTTGAC	TGAACGAAAA	TGCGCTTGTA	ACAAGCTTTT	TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC	CCAACACAGA	GAATTTGAA	AAGAAATCT	ACAGGCAATG	CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA	ACAAAGAGAA	ATTGGATTCC	CAATTTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA	ATAAATTTTG	CGAAAATATC	ATTTATGTCC	CACTCCCTAG	ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA	CTTATTAAAG	TAATATATTT	TTATGATTCT	CTTAGCTGCA	ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT	CATCAAACCT	CATAGCCTCA	AGGTCAGTAG	ATTTCA		4846

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1843 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG 60
 GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT 120
 AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCTGTTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT 180
 ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT 240
 TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG 300
 GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA 360
 AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA 420
 TCAAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTIA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA 480
 TATTTAACCTA ATGGTGGAAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA 540
 ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA 600
 GGTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT 660
 GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT 720
 ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT 780
 TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT 840
 TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC 900
 CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT 960
 ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT 1020
 CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA 1080
 AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT 1140
 GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYGgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAAATGAA 1200
 TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG 1260
 TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA 1320
 GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC 1380
 TCGATTGTAG AAAAGAAGA rATTCCATTC rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA 1440

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG 180
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240
 30 CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGAATTATT ATTATGGCAA AACgITCCAA 300
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360
 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420
 35 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCaAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAA 540
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTcGACCA 600
 ATCCTTTTTc ATATACAAAA ATTcCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaaATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780
 GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840
 CCATCGTTAT TTACACGTTc TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTc AGCACGACGA 1020

EP 0 786 519 A2

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCCG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA CT	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTA GTCGCATAAT GTTTTGTA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGTT TGGGAAAATT	1560
15	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTG	1740
	ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTTGTA GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCCTGCAA	2160
	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTTATC	2220
35	CAAGTCTTTG TCATTAACTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTGG GATTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTGGAATG CATTATATC	2700
50	AATATACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTAACTTC TCCAAGCCT TAGTGTCATT	2820

55

EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG	ATAACTAACC	CAATCAATCT	TTTCATTCTA	TCAATTCCTT	TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT	CATTAAATGTC	TACGTATGAA	TCTAGCTAGA	ACATTCCCTA	GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA	ATAATGACTA	ATACAATAAC	GGTAATAATA	ATGACCGTCG	TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA	TACACTAAAG	CTAAGTCTCC	TATACCACCA	CCGCCAACAG	CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT	CCAATAAGTC	CAATAATCGC	AGTGGTAATT	GCTAATACTA	ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA	ATTAAAAAAT	ATCTAATGAT	TTGTAGTGGT	GAAGCGCCCA	TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA	ATCCCCTCGT	CTACTTCCAA	TAATGAGTTT	TCAACAAGTC	TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA	TATACTGTTA	AAGGCACGAT	GGCAGCAGTC	GTACCAATTG	AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT	GTGAATGGCA	CAATCGCAAT	TAACAAAATA	ATAAATGGTA	GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT	AAAGGATTTA	AAACTTGATG	TATCACTATA	TTGGGCCATA	TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT	ACCAATAAGA	CACCTAATGG	AATACCAATC	ACTGCTCCTA	AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC	ATATATAGCG	TTTCGTACAA	TGCTTGTAAT	AACTGTGCAC	TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC	ATATGTTAAT	GcACCTCCTC	AAATTGAATA	TTTTTCTCTT	TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC	GTGTCTTCAA	ATTGTTGATC	CATATTAAAT	CGAAGCCACA	TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT	TGTATTTCTG	ACATAGATGA	AAATAAAATT	TTAACCTCTC	TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG	TCATTTATAA	TCGGTTGTGT	CACCTGAGTT	TCCTCGACGA	AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA	TCGCCAACTT	GTTTCGTCAAT	CAATCGACGA	ATCAATGATG	TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA	ACTGTAGACA	CAAAATTTTG	AGCAATCGTC	GTTTTAGGAT	GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAACA	GTTCTGTTT	CAACCACTTT	CCCCTTTTCC	ATTACAGCAA	CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA	ATAACGCGCA	TTTCATGTGT	AATCATCATA	ATTGTAATGC	CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC	TTTAATAACG	TCAATATCGA	AGCAGTCGTT	GCTGGATCCA	ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG	CATAGGAGTA	TTTTCCGATT	AGTAACAAGC	GCTCTTGCAA	TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC	CCACCAGATA	ATTCATCAGG	AAATTGGTCT	TTTTTATCAC	TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC	ATTTCCGTTA	CTCGTTGCTT	AATTTCTGTT	TTGCTTTTCT	TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT	GCTACATTTT	TAAATACGGT	AGCTGAATTT	AATAAATTGA	AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG	ATATCTTTCT	TAATATCCCT	CATCATTTTA	TCGCTATAAT	TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT	ACAATCACTT	GTCCATTCGA	GGCAGCTTCA	AGATGATTCA	CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT	TTTCCTGCAC	CACTATATCC	AATCACACCA	AAAATATCAT	TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT	ACGTCCTTCA	AAGCATCTAT	TTTTTGCTTC	TTTTTATTAA	AGGTCTTACT	4620

55

EP 0 786 519 A2

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTcAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGCTCG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAT TACTTTTGTC	5760
35	AATGCGGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTCAATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG ACATTTGCAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATGTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
15	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACTAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTGAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCTGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACC G AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
35	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
	TGTGCCTAGA TGCATTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTCAAC CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTAAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4328 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGTkGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTG CTTCATAAAA 540
 TTTETAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTGA TGCTGTTTAA 600
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAAATGTGG 660
 CATTTTTTAA TTCTGAAACA CTGTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780
 45 TTTCTTTTGG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
 50 TACCATCAAT ACCATTGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

	TAATTTCTTT	ACGCCCTTTT	TTCTCTAAGC	ATTGCCATTT	TTCTAACCAA	CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT	GTCTTCCATT	AATGACCTAA	AGAAATCATT	CGCAGAAATC	TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC	TATCGGAAAG	ACATCAATCT	TATCATTGTT	TTGCACTAAT	ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT	CTTTAACCAT	TGATTTAACT	TTTTAGAAAT	CACTGGTTTC	CCAACACGAA	1380
	TTACGAAATC	CACATTTAAG	TCTAAGCCGC	TTCTAAACAG	CAAATCATAT	GTACAGATAA	1440
10	CATTCGGATG	ATCAAATTTT	CTTAAATGAC	TTAAAGGATC	AGCTAAAATA	GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA	ATACGTTAGT	ATTTGATCAA	CTTCTGGTGT	CTGCATATCC	CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT	TTTCTTATTT	AAAATGTGTC	TTAATGCCGA	TGCATCTATA	CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA	AATCTTCATC	TCAGAAGTTA	ACAATTCTGT	TGCATTCAAA	TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT	AAATGGCAAG	TTAAAATGAA	TTGGCCCTTT	ATGTGGTCCA	TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT	TTGCATTTGA	TAGTAAATTG	CATCAATGGT	CTCTTTACTA	TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC	GAATCATAA	CTTACATAAT	TATTAAACAT	ATTTACTTGA	TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC	TACACTTCTT	AATTCATGCG	GACGGTCACT	TGTTAAAACG	ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT	TTGGCTTTCA	GCAATTGCAG	GCGTATAATT	CGCTGCTGCT	GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT	AGCGACAGGT	CTTTCCTGTC	CTTTAATTAA	CCCAACTGCA	AAAAACGCTG	2040
	CACCTCGCTC	ATCGGGGTGT	ATCCATGTTT	TAATATTTGG	ATGTGCTTCA	AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGGCGT	TGAGCGTGAT	CCCGGACTGA	TAACTACTTC	CCTTACGCCG	TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC	AAATGTAAAA	ACTTGCTTCG	TTAAAGCTGC	TTTATGATTT	CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA	ATGCATTCAT	CATAGGTGTG	AACTTAAGGT	TCGTTTCTGC	CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG	AATCTTTAAC	AATGCCACAC	CCAGCAAATA	AAGTTGCTTG	TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG	AACGAATTGC	AACAATAAAT	TCACAATCAT	CGTATATATC	TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC	CATATAATCC	TCGCGTACCA	AATTCTTTCT	GCTCAATAAA	ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG	GATAGCCACC	TAAAGCAGGT	GTTGGATGTA	AATTATCAAT	TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT	CCTTCAGTGG	CGCCTTTATT	TCAGTGATCA	AGTGATATAA	ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT	TAGGCGTCTT	ATCATAATGT	AATTCAGTGA	TATAAGGTTT	AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT	CAACAACAAA	TCGATGTTTC	ATTAAGTTTT	TATTATCTTT	TAAAAATGCT	2700
	TCAACATTTT	TTGTATCTTC	GTCCTCATCT	TGTGAACGTT	TAATTGTACC	TGCTACAGCT	2760
50	TTAGTCGATA	GTATTTTATT	ATTGACCTTT	ATTAATTGTT	CAGGTGTTTG	TGAAAAGAAT	2820
	ATAGAATCTT	GTGATTCTAA	CAAGAATATA	TAACTGTTTT	TTTCTTTAGA	ATATGCTTGC	2880

55

ACAATTTTTT CTTCAATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180
 ACAAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 10 AACCCCTCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAAG 3420
 15 CGATCTCCTG CCTCATGTGC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATT 3600
 TTATATTGTA TCATTTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAAATA 3720
 25 TGATTTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAGG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 40 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260
 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTGGT TAAGTGTACC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
10	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAACT ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACTTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA	720
	TGCAAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
30	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTagAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCTrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180
 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240
 10 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360
 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420
 15 AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840
 TGGGGAaTGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAATAA GCCTTAACAC 960
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020
 35 GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080
 AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2931 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTG AGTTGATTTT 120
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TAAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

55

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTTCAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTGTGA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
15	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAG	720
	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TCGCATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTCG AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTTC	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagcTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

	GCCGGATTCT	CCTGGTGTGC	CTGAAGGTAT	TGCTAAAAAT	ACAATTACAG	TTCCATACAA	2100
	TGATTTAGAT	GCACTTAAAA	TCGCTTTCGA	AAAATTTGGa	AACGATATTG	CTGGTGTAAT	2160
5	CGTAGAACCT	GTTGCTGGTA	ATATGGGTGT	CGTACGCCCG	ATTGAAGGTT	TTTTACAGGG	2220
	ATTAAGAGAT	ATTACGACTG	AATACGGCGC	ATTGCTAATT	TTCGATGAAG	TAATGACTGG	2280
	TTTCAGAGTC	GGTTATCATT	GTGCACAAGG	TTACTTTGGT	GTGACACCAG	ATTTAACTTG	2340
10	CTTAGGAAAA	GTTATCGGTG	GAGGACTACC	TGTAGGTGCA	TTTGGTGGTA	AAAAAGAAAT	2400
	CATGGATCAT	ATAGCACCAT	TAGGAAATAT	TTATCAAGCG	GGTACGTTAT	CAGGAAATCC	2460
15	TCTTGCAATG	ACAAGTGGTT	ATGAAACGTT	AAGCCAATTA	ACGCCAGAGA	CATATGAGTA	2520
	TTTTAATATG	TTAGGCGATA	TACTTGAAGA	CGGTTTAAAA	CGTGTATTTG	CTAAACACAA	2580
	TGTACCAATA	ACTGTAAATA	GAGCAGGTTT	AATGATTGGT	TATTTCTTAA	ATGAAGGACC	2640
20	TGTAACATA	TTTGAACAAG	CGAATAAAAAG	TGATTTGAAA	TTATTTGCAG	AAATGTATCG	2700
	AGAAATGGCA	AAAGAAGGTG	TGTTTTTACC	ACCATCTCAA	TTTGAAGGTA	CATTCTTATC	2760
	TACGGCACAC	ACGAAAGAAG	ATATTGAAAA	AACGATTCAA	GCATTTGATA	CGGCTTTAAG	2820
25	TCGTATTGTA	AAATAAATAT	ACGGACAAAT	TGAGAGCCTG	AACTTTGTTC	AGGCTCnTTT	2880
	TAAATGTATA	TAAGGCATGG	GCGGCGACTT	GATAGTGAAA	GTCCACTACT	A	2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1421 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40	AATTATGAAT	GCATTACCAG	TATTATTACA	AAAGAACAAT	TAAAAATGTT	TGTTTATGAT	60
	TATGATACGC	ATCTCATTAA	AAATGTAAaTG	GTTGCAGCAG	ACGTGTTAAA	GGCAAATGAT	120
	ATTCAAGGAC	ATGAACCATT	AATCGTTAAC	CTTCAAACGA	TTGATGAAAC	ATTACATCGT	180
45	TTACCTATGC	ATAATAGAAA	AGACATGATG	GTTAATGGCG	GTGTACTTAT	GGCACATTTA	240
	AATGCCAAAA	GTGGTCCGTG	GTAAAAGAT	GTGCTAAGAC	AAATTGAGAT	AGCGATTGTA	300
50	ACAGGTAAAG	TAAGCAACGA	AGAAACTGAA	ATTTTGAAAT	GGGTGGATAA	TCATGTCAAA	360
	ATATAGTCAA	GATGTACTTC	AATTACTCTA	TAAAAATAAA	CCGAATTATA	TATCTGGACA	420
	AAGCATTGCG	GAATCACTTA	ATATTTACAG	CACTGCAGTA	AAAAAAGTGA	TTGACCAATT	480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACCT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCTG TGTTAAGACC 780
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TCGGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTITAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAGG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2202 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACATAA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

EP 0 786 519 A2

	CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA	600
	GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA	660
5	GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG	720
	TGGCAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC	780
10	AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG	840
	GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTTATG	900
	GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA	960
15	TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAGCTTT AAAACAGTA AAAATAAAGG	1020
	AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA	1080
	GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT	1140
20	AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC	1200
	TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAA AATTAGTAGG	1260
25	TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCTACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG	1320
	TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA	1380
	AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAA TGAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC	1440
30	TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC	1500
	TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA	1560
	ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA	1620
35	CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA	1680
	TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG	1740
40	TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG	1800
	TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT	1860
	TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA	1920
45	AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT	1980
	TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG	2040
	AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA	2100
50	CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT	2160
	GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT	2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

- (A) LENGTH: 785 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG cAAGATGATG GCACGATAAA 60
 ACCTAAACAG AAGAAmATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180
 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360
 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420
 CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480
 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA 540
 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660
 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720
 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780
 TCTTC 785

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTcAATGAT 60
 AAAATATTTG TACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120
 TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240
 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT 300

EP 0 786 519 A2

	ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT	420
	GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA	480
5	TTTTTAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT	540
	TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT	600
	TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT	660
10	TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA	720
	ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGThTTAAT AAAGCACTCG TTAATAACT TGTnAAAAATG	780
15	CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG	812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

	ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACAnT	60
	TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT	120
30	GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA	180
	TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT	240
35	GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA	300
	AAGAAATTAA TTAgtTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC	360
	AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTT AGCAGACTTA	420
40	CCATTGCGAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT	480
	GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA	540
	TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT	600
45	AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGTG GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA	660
	TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA	720
	AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA	780
50	ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA	840
	AAACATTAAA TAATGAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC	900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380
 15 GTTATTCACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440
 CCTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTAAAACAG CTTGAAAAAT 1500
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTCAGCAG TACAAATTGT 240
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300
 45 AATTGGTTAT GGAAGTCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTATTTTA	1080
15	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCCTTTTTT ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCCTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
35	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGtGCaAG TTTGGGATGG GCCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TGCCTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAa TACAaMTGta CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGrGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TCmGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCCTGTAAT GCTTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

EP 0 786 519 A2

	CAAACTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAATAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTTG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTTGA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
	GCTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
50	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTICA TTTTATTAT TTAATAAAG CTTGGGTGTA	960
	TAATTCCTTT TATGAGAAAT ATGTTGTCT ATAAACCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

EP 0 786 519 A2

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
CATTCTTCT CTAAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCA GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
ACnGCCAGGA AATTCACACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACCTCTCT GTGCACAAAG 1380
10 AATTTTGTTA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440
CACCCCTTCAA TTTAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620
TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680
20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATGaa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGTATACGC GGAAAATTCG 1860
25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTG GGTTTAGCGC 1920
GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
TTTCcAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1933 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
35 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAATGCG TCAAAGGATG 60
GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTAAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACGTG TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840
 TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900
 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960
 15 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020
 TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGGCG AAATACTTAC GTAATTCTTT 1080
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200
 GCCGCCTTTT CTAAATCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG 1260
 25 TGTCTTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTG TTCTGGCTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500
 TAATACAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG 1560
 AACACGTTCC CAATAGATT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620
 35 CTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680
 TTCAAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAATTGT TGCAATTTCA AATTCTTGAC CTTTTAACAA 1740
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTCCAATA CTAGACGTGT 1860
 ATTAACCTCT ACTGGGAAC CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAT 1920
 45 GTAATCGATC ATT 1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGTnCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCCTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGGTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCTG CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAACT ATTAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAGCAG ACACTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT CTACTATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

EP 0 786 519 A2

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 10 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCATCTTCA TTA CTCTTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCC ACATTAACAT 300
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAATATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCATT TTTT TGTCATTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCATTTCAT 660
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAArac TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTCG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTTCAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATTCTTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTGCAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCACAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCGA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CACCTCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTTCG GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 629 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAATTGTC ATGATATCAT 60
 CAATAAAATG TTGAACTTC GTAATTCAC CTTATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCC 120
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTCGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240
 TCAAAGGATA GTGTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAATCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480
 GATTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CCTTTTAAAT 540
 20 ACGTGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TCTATATACC TCCACTATGT CTAAAGAGT 600
 TKGCTAAACG CGTTGTCGTC GATGATTAA 629

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60
 AGATAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120
 40 TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTAAAT 300
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GKATGGATCC AGATGGCTCA ATTGATGTGC TGA CTACAAT 360
 TAAGTCTTTA GKAAATGAC TTGATATGAG AATTCTAATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGNCATTTTG TTCAAGATGT 480
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTGTGT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

55

	TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG	2520
	AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT	2580
5	TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA	2640
	AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT	2700
	TAAAATTAAA CTTACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT	2760
10	AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC	2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

	TCTGTAAAA TGATTTTTCT TTTAAAAAGG CCGRAAATCA ATGTTTCGATT nTTATTTGCA	60
25	TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC	120
	ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA	180
	CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG	240
30	GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT	300
	TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGSTA ACGGAGTCGT TGTGATCCA GTTGCACTAT	360
	TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA	420
35	ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC	480
	gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG	540
40	TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT	600
	TAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC	660
	CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG	720
45	TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG	780
	AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA	840
	GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA	900
50	AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG	960
	AATTATTCTGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA	1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAACCT 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 15 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 rTTAgATGat AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACtTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGGTTATT TGATTATTTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAACCTA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACAFAACTG TGTCGTTTCG ATAAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 40 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420
 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTTTGTTT	1140
	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
10	TrGCTAACAC TacGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
15	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGca TAAAAATGAA	1380
	TTGGtTGCCA ACmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTCT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGTTT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAATTGGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTGTC ATTACAACGT CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC	1920
	TAATATTTTG TGACmAGTA TGCTCTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA	1980
	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGTC	2280
	GTTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGA 2940
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
 10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 748 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
 30 TTAATTAAAG AAAC TAGTAT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTAAACATT TAACAGATGT 600
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660
 TGTCACTGAT CaaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4718 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC yCTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
10	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTGCGATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTTCG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTGCATAA AGCATAAAGC TTGTGCGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

EP 0 786 519 A2

	TGaTGCTCGT ATTTTGAAG TAAGAAAAA GTTGTTTTAA AAATTACAAC GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT TATATGTTGA AAGAGTATTG CaGATTAAAT TaTAATAATG ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG GGGTTAATGT TCATGCGAAG ACACGCGATA ATTTTGCCAG CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG AAATCTAAAA AGTATAAAGT GCTACACGAG GTTGCTGGGA AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA TTGAAAAGTG TGAAAGGCTC TGGTGTGCGAT CAAGTTGTAA CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT GAAAGTGTA AAGGACATTT AGGCGAGCGT TCTTTATACA GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACTC GGTACTGCGC ATGCaTGCAA ATGGCGAAAT CACACTTAGA AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA TCGTTGTATG TGGTGACACA CCGCTCATCA CAAAGGAAAC ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC ATCAGCAGGA TGCTAATGCT CAAGCAACTG TATTATCTGC ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG GATACGGAAG AATCGTTCGA AATGCGTCAG GTCGTTTAGA ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG ATGCAACGCA AGCTGAAAAG GATATTAATG AAATTAGTTC AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA ATAAAACGTT GTTTGAAAAA TTAACACAAG TGAAAAATGA TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT ACCTCCCTGa TGTATTGTCG TTAATTTTAA ATGATGGCGG CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA CCAATGATGT TGAAGAAATC ATGGGTGTAA ATGATCGTGT AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA AGGCGATGCA ACGTCGTACG AATCATTATC ACATGCTAAA TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC CTGACAGCAC TTATATTGGT CCAGACGTTA CAATTGGTAG TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG GCGTACGAAT TAATGGTCGT ACAGAAATTG GCGAAGATGT TGTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG AAATTAACAA TAGTACGATT GAAAATGGTG CATGTATTCA ACAGTCTGTT	2820
	GTAAATGATG CTAGCGTAGG AGCGAATACT AAGGTCGGAC CGTTTGCGCA ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT TAGGTGCAGA TGTTAAGGTT GGAAATTTTG TAGAAATTAA AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG GTGCCAAGGT TTCACATTTA AGTTATATTG GCGATGCTGT AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA TTGGTTGCGG AACGATTACA GTTAACTATG ATGGTGAAAA TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG GCAAAGATTC ATTTGTAGGT TGCAATGTTA ATTTAGTAGC ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG ATGTATTGGT GGCAGCTGGT TCCACAATCA CAGATGACGT ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG TGGCAAGAGC AAGACAAACA ACAAAGAAG GATATAGGAA ATAATCATT	3240
	ACGTATTTAA AATGGCTAGG ATAAAAGGAT AATCCTATGT AATATTAATG TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA TTCGCATAGT AATGGAGTTA CATyTTATAT ATAATAGTAA TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG AGGACTATAA ATGTTAAATA ATGAATATAA GAATTCGTCA TTAAAGATT	3420
	TTTCATTGAA AGGAAACGAA GCATTAGCGC AAGAAGTTGC TGACCAAGTA GGAATTGAAC	3480

55

5 GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
 10 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
 15 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTGC TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
 TGTATAATAG TTTGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTGTAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3181 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

45 AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
 50 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTAATATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTAAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTGGGGTAT TACAACAACT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTTCGTGC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAAAT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAgCAGCT GGATTAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAAC CTTCATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATT AGTCGGTGT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATT TTCAACAGTA TTTTAGATT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATT CAT 2160
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580
 TAAAAATAAA TTTAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640
 20 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880
 TGGTGCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000
 30 TAAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAATAT AGTCTTTTCGC 3120
 ACCTAATAAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180
 35 T 3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4029 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACC GC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTACGCTTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGaTATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGTtCTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTAA ATTCCCTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCAGTA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTGATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCCTTc TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

CAAAGTGGCG GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT 2100
 TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA 2160
 5 GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACCTT ATTATAATGA TTCGTTAACG 2220
 GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA 2280
 CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA 2340
 10 TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT 2400
 GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAA TGA CTCTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn 2460
 AATCCAGGTA TTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC 2520
 15 ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTAA ACTTTCTAAT 2580
 TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACTGT TTTGGAATTA 2640
 GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT 2700
 20 ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA 2760
 TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAA CTATCTTACT 2820
 25 GCTGTTCACT TTTTATAATA CTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA 2880
 AATAATCAAA AGTGCACATT ATTAAAATAT CAATTTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT 2940
 TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT 3000
 30 AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT 3060
 ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTTCGTCAGA TTCAAACGTT 3120
 TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTACTTTTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA 3180
 35 AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTTGCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT 3240
 TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCTTC 3300
 TCCTTCGGCT CTCGTTACT CATTAGCTC TACTAACTC GTTGGCTCTT TTTCTCGTTT 3360
 40 CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTATTTT 3420
 TGACGTTTTA GTCATAAAAA AAAGAGACCT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT 3480
 45 TTTTGCCTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GWCCTAAGa 3540
 acCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTTCCTCT YCTTCGGCTC TCGCTTACTC 3600
 ATTTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA 3660
 50 CTTCGCCAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA 3720
 AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTGCTCTG CAACGTTCTA 3780

55

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCCM CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGAGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTTACATT TGATAAAGTA TTATTGTAG GTGGAGATTC 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTCGCGGT AAAAAAATCA CTGTATTACAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG accATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCagCTGTA 600
 TTGTTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACGG CGTTGTTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC 1260
 AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTAAAGAAT AAAGTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA 1320
 5 TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA 1380
 ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA 1440
 10 GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA 1500
 TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATT. GGTGGACCAG CTGGCGGTGA 1560
 CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA 1620
 15 TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT 1680
 GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA 1740
 TGTTGAAACA GACGAAgTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC 1800
 20 GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC 1860
 TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT 1920
 ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT 1980
 25 CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATGGGGC ATATCATTTT ACAACGATT. AACCAAATCT 2040
 AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTGTATTG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT 2100
 TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC 2160
 30 AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA 2220
 TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA 2280
 AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA 2340
 35 AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT 2400
 TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC 2460
 40 AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAACATA CACCGTCACA 2520
 AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT 2580
 TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTGCTCG 2640
 45 TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA 2700
 TATCGTTAGA ATTCTTGCGG GAGAATTTGA ATTCTGTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA 2760
 CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCTG AATCCGTGGT 2820
 50 TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC 2880
 CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC 2940

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
10	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
15	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTC AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
35	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACCTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
5	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACCTGTAAA CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGAC ACACCACACG GTTCATTTGA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTCCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55

EP 0 786 519 A2

AATGGTTGAA CATAcAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTtagTTAT 6780
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACttTTTGg 6900
 10 TATTcGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAgA TTTCAAGAA GAATTCtTCG AGCAATATGG 7020
 15 ATTAAATGTT GAGAACCcAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTtATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140
 ACAAAAActG TGCGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180
 CTTcATTAGC TCTAGAAcAA CATATTcAGA CTtAAAAAA TATCCATATA TtAAAAGAAT 240
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GArAACGAAA GACTCTAATG TTGATTtAAT 300
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTcGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540
 ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTcGT 600
 50 CCCAGATAAT CAACTAcCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660
 ATTGTcACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

EP 0 786 519 A2

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTAACTT GAAAGCTTAa ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
15	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTGCCCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGctAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
30	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAAATGGAT CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAAACTC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG GATGTCACCTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAATTTT ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

55

EP 0 786 519 A2

	ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG	2700
	CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG	2760
5	CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG	2820
	GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG	2880
10	AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA	2940
	AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG	3000
	GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA	3060
15	GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA	3120
	ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC	3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3821 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

30	GCAAAACTT TTCTCCAAT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAATT GATATGATGA	60
	ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT	120
	TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG	180
35	ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT	240
	ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTATTC CGATTAGAAT AATAAGAATA	300
	AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTCGTT TTCATATTGG	360
40	CTGCATGCGG AAACAATTCTG TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA	420
	ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA	480
45	CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AACTTTAAAT	540
	TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA	600
	TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT	660
50	ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG	720
	ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA	780
55	AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT	840

	AAAAACCTAA	TGcTAAGATC	AAAGCAATCA	AAGGTAATGC	TGAACAAAGT	AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC	TAAAAAAGCA	GATGATGAAA	CAGTTCAAAA	ATTCAATGAT	GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA	AAACGGTGAA	TTAGCTAAAA	TAGGTAAGAA	ATGGTTTGGT	CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA	ATAGCGAACA	ACAACATGCG	CTAGATGCTG	CAAAACAAGC	TTTCGGACCT	1140
	ATGCTAGAAG	GTTTGGTCAA	ATATTCAATT	CCTATTACAT	TAGTTACATT	TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG	CATTATTTAC	AGCATTAAATG	CGAATTTCAA	CGAGTAAAAT	TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG	TCTATGTATC	TATTATTCTGA	GGAACACCAA	TGATAGTACA	ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG	GTATTCCAGA	ATTAGGTAGA	TTATTAAACA	ATGACGCTGA	CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC	CTGTAGTGGC	TGCTATTATT	GGTTTATCAT	TAAATGTAGG	TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA	TTCTGTGGCG	TATTATTTCT	ATACCGAAAG	GACAAACAGA	AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA	TGACGTATGG	TCAAACGATA	CAACGTATCA	TTTTACCGCA	GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC	CTGCACTAGG	TAATACATTT	TTAAGTTTAA	TCAAAGATAC	ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT	TAGTGGCTGA	AATGTTTAGA	AAAGCTCAAG	AAGTTGCGTC	TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA	CAATTTATGT	GTTAGTTGCG	CTAATGTACT	GGGTGGTATG	CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC	AAGGTATCTA	TGAATCTTAT	ATTGAAAGAG	GGTATCGCTC	ATGATTCAAT	1800
	TGAACAATAT	CCATAATCA	TTTAATGATG	TTGAAGTCAT	CAAAGGTATT	GATTTATCTG	1860
30	TTGAACAAGG	TGAGGTTGTA	ACCTTAATCG	GTCGATCTGG	TTCAAGTAAA	ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT	TAATGCATTA	GAAATTCCAA	CTGAAGGTAC	AGTTTATGTT	AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC	TAAAGATAAA	AAATCACAAA	TAGAAGTTCTG	TAAACAGTCT	GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA	TAACCTTTTT	CCGCATAAGA	CGGCATTAGA	AAATGTAATG	GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA	AAAGTTGAAA	AAGGATGAGG	CACGTGGGAA	ATCACTTGAG	TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT	AACACATGTC	AAAGATCAAC	GTCCACATGC	ATTATCAGGT	GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC	TATTGTCAAG	AGCACTAGCA	ATGAACCCTA	AAGTGATGTT	GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG	CACTTGATCC	TGAACTTGTG	AATGATGTTT	TAAAGGTTAT	TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG	GCATGACAAT	GGTCATTGTG	ACACATGAAA	TGCGTTTTGC	TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA	TTGTATTTAT	TcmTGAAGGC	ATGATCGGAG	AACAAGGGGC	TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC	GTCCGAAAC	AGAAGAATTA	AGACGTTTCT	TAAATGTTAT	AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA	GAACCACGTA	TCATGTTTTA	GTATGGCGAT	GAAGCCATAT	ACATGATGCC	2580
	TGGTTCCTTG	TTATGTTGTC	ATAATCTTGG	AGCGATATTT	TAACGACGTT	TATGATTTAA	2640

55

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760
 TGAAAAGTCA CCGTAATAC CATAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820
 5 CTTAATCATT TCCCaCTGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000
 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120
 15 CGTTTTTAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCAATCGTA 3180
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300
 20 GACACCAaTa TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360
 AAGTTGGTCT TCACTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAAACGGA TTTGGCTCAT 3420
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTATCCA TTGTTCTaAC 3480
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600
 30 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660
 AAAAAAATAT TTGAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAATGC T 3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTCGAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120
 ATTTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

EP 0 786 519 A2

	TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA	360
	TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA	420
5	CCCCAAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA	480
	TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTT ATATAACTAA TTTCAACATT TATCGTCGAA	540
	CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT	600
10	GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT	660
	TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT	720
15	TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT	780
	GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGGTTTTTA	840
	TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA	900
20	TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAATAATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG	960
	TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC	1020
	GCTGATTGAT TAGCAGCAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT	1080
25	TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT	1140
	ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCACTA	1200
	GTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC	1260
30	TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGACT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT	1320
	GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT	1380
35	TATTACTAAC ATTATAGTAC CTGTTTATA TACCTGTGCG TA	1422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

	ACGCGTTGGT TATTCAATC ATAATATTAC TCTGCAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA	60
	AATGGATAGA GATTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG	120
50	CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAAAGT AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG	180
	GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTAAAG AGCTTTAAAT	240

EP 0 786 519 A2

GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT 360
 TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT 420
 5 TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT 480
 ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT 540
 10 ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT 600
 CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT 660
 AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACTACT 720
 15 CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA 780
 TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT 840
 TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG 900
 20 TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATACT GTACGGTAGT 960
 CTCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC 1020
 TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT 1080
 25 CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG 1140
 GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT 1200
 CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTGGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC 1260
 30 CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTGTAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG 1320
 TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA 1380
 35 ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT 1440
 TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT 1500
 CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGTAAGCCA TGGTCTACAA 1560
 40 AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT 1620
 CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT 1680
 CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC 1740
 45 GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT 1800
 GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT 1860
 CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA 1920
 50 CAGTTTGTTC TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTTCGATTA ATGATTGCTT 1980
 TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT 2040

55

	TAAATGAACC	TTCTTCATAA	ACTGAATTTG	GACCACCTGA	TAAGATAATA	CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT	AATTTCTTCA	ATTGAAATTT	CATGATCGTG	TAATTCACTA	TAAACGCCCA	2220
5	TTTCACGAAT	TCGGCGTGTA	ATTAATTGGT	TGTATTGGCT	ACCAAAGTCT	AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG	TTCTTTTGCC	ATTTCCATAT	TTGTCGTTCT	CCTTTATCTT	AATTAGAATG	2340
	AGTAGTTCGG	TGATTCTTTC	GTAATTTGAA	TATTATGTGG	ATGGCTTTCT	GCTAAACCAG	2400
10	CAGGACCCAT	ACGTGTAAAT	TGTGCTTCTT	CGCGTAATTC	TCTTAAATCG	TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT	ACCAGCACGC	ACACCGCCCA	TTAATTGGTA	AATTGTATCT	TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC	CGTACGTCCT	TCGATACCTT	CAGGAACAAA	TTTCTTAGGC	GCTTTGTCCCT	2580
	CTTGGAAGTA	ACGGTCGTTT	GAACCTTTTT	CCATCGCACC	TAAAGAGCCC	ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA	TTGCTACCT	TGGAAAATTT	CTGTTGCGCC	TGGGCTTTCT	TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT	ACCTAACATA	ACCGCATGTC	CACCAGCAGC	TAATGCTTTA	ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT	AATACCACCA	TCAGCAATGA	TAGCTTTACC	ATGTTTGCGT	GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA	AATTGCTGTA	ATTTGTGGTA	CACCAACACC	TGCTACAACA	CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC	TGGGCCAATA	CCAACTTTAA	CAATATCTGC	ACCCGCTTCA	AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC	TGCAGTTGCT	ACGTTACCTG	CTACTAATGT	GATTTCTGGG	TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT	CAC TTGATCG	ATAACACCTT	TAGAGTGACC	ATGTGCTGTA	TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC	ACCTGCTTCG	ACTAATTTTT	GAGCACGAAT	ATCAGTATCT	TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC	GGCTACAAGT	AGACGACCAT	GTTTCATCTT	TGCTGCATTA	GGGAATT CGA	3180
35	TAAC TTTTTC	AATATCTTTA	ATAGTAATAA	GACCTTCTAG	ACGTCCGTCT	TTAACTAATG	3240
	GTAAC TTTTC	AATCTTATGT	TTTTGGAGAA	TTTTTCTGCG	TTCTTCAAGT	GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT	AATTAAATt	TCTTGCGTCA	TTACATCTAC	AATTTTAATC	GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG	TAAGTCACGG	TTTGTTAAAA	TACCTACTAA	GTTGCGATCT	TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG	TACACCTGAA	ATACGGTATT	TACCCATTAA	TGCTTCTGCT	TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG	CGTTAAGAAA	AATGGGTTTG	AAATGACACC	ATTTTCTGAG	CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACTTC	GTCCGCTTGT	TCTTCAACGC	CCATATTTTT	ATGAATAACA	CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC	CATAGCAATC	GCCATTTTAG	ATT CAGTTAC	AGTATCCATA	CCAGCAGAAA	3660
	TAAC TGG AAT	ATTTAATTTA	ACTTTGTCTG	ATAATTGTAC	GCTTAAATCA	ACGTCTTTTCG	3720
50	GTA AAATATC	AGATTGTGCT	GGAATTAATA	ACACATCATC	AAACGTTAAT	GATTC TTTTG	3780
	CAAATTTACT	TTCCACATT	AAAAACAGCC	TCCATTTTTC	AAATTAATTA	GTTATATTAT	3840

55

EP 0 786 519 A2

	GCAGAGATTG CGCCTAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AACACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCACCTGGG TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTACTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCTG TTACTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTTCAGG GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT	5040
	GGAAC TAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATC TTCTCCACC AATGTCACTT TGTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AACTCTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATT TCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTCG TTTTTCGCA AATAAACATG	5460
	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
50	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTTGA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880
 CCATGGTTAC AATTAAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940
 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000
 10 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GCAATTTCTT TACTGTGGCT 300
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAATAT GCAGCTCTAC 420
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAAAC AAGCTAAAGC 660
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATCACTTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

EP 0 786 519 A2

	ACCTTGCATG	TCTAAAGATG	TCATATAATC	ACCAACAAAC	CATTTAGCAA	CATTAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT	AAATTTTGT	GAATATATTT	AGTTACGATA	TTTAATTCAG	ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA	CCATTTACCA	TTAATATGAC	ATCATTGGCA	GTAACCTCTT	TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT	GTTCCAACAA	TATGATCAAT	ATCCTTTACT	TCTTCCCTAT	GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT	ATACCAATAC	CGATTTCCAT	TTTGTCGTCT	TCAATATCAA	AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT	GGAACAAGCG	GTGGCTCAAT	TGCCATACCA	ATACTTTTAA	TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT	ACACGCGATT	TTATCTCTGT	TAATGAATAA	CCTTTTTCAG	CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA	TGAACAAACA	CTGTTCTGCG	AACACCACGA	CGTTGTACTT	CGTTTGTGAC	1500
	AGCAATGTG	TCACGAACAA	TAACAGTTTG	AACATTTATA	CCTTCCATTT	CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT	TCGAAATTCA	TCACGTCACC	TGCATAGTTT	TTTACAACCTA	GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA	TCTACTGCTT	TAATAGCTTC	TAATATTTTA	TCAGGTGTAG	GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA	CRAACCGCTG	CATCTAGCAT	ACCTTCTGCA	ACAAAACCGG	CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG	CTTCCACCTC	CAGAGACTAT	TGCTACACCA	TGTTCTTTCT	TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT	GTATTAGCAA	TCAGATCTAA	CTCTGGGTGC	GCAATTAACA	ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT	AAAAATGTTT	CTTTTTTATT	GATTAACTTT	TTCATCATGT	TGTACCTCCT	1920
30	TGGTATTATC	AGTCATAGTA	TAAACAGAA	TAAATGAATG	CGCTATCATA	AAGAATTAAC	1980
	CTGATACCGT	TATCAAATAT	ATTTTTGATA	AGATCCTCTT	GATAACTTAA	TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT	AAATAGTCTT	GAGTGGCTCA	TAAATAAAAA	AATGCTATGA	AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC	CTTTCATAGC	aATAAGTTGT	GTCCATTGAC	ACTATACATT	TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT	ATAAGAAATA	CGGTGCACCA	ATAATTGCTA	CGACAATACC	TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT	GTAATACAAT	TTTGCCAATT	GTATCAGCTA	TAACAAGTAA	ACATGCCCCT	2280
40	ACTAAAATGG	CAATTGGTAA	AAACAACCTG	TGACGTGGTC	CAACGATACG	TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA	TTAATCCGAT	AAACGAAATT	GAACCTGCTA	CTGCTACAGC	AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG	CGATAAAGAA	TAATATTAAA	CGTTCTCTGC	TTAACCTTAC	ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT	TATCACCCGT	ATGAATAATA	TTTAGTGTAT	TCGATTTAAA	TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA	TCAACACCCA	CGGTAAAAAT	GCAATGACAA	ATGGCCATTC	GTCACCCCAA	2580
	ATATTACCTG	CAAACCAAGC	AGCGATGAAA	TCAGATTGCT	TATCATCAAA	TTTTGACATA	2640
50	ATTGTAATTG	AGCCACCATA	TAATGCTGTT	TGTAAACCTA	CACCTATTAA	TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA	CACCTTCATT	TTTATTAAAA	CTGaAAATAA	AAATAATCaA	TGCAGTGgTG	2760

55

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCActGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGctGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
10	ATCAATTGTC TCGGTTTATT ATTGGAATA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAAG GCTGTTAATG	3300
15	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
30	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAACTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTGTCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTA AAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGCGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTC TAATATTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGTTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTTCCT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACATA TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

55

	TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAAaTG GctATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGAtt GTGtATGAAT ATTTTCACCa	4800
	TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA	4860
	GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCT TGCCATCTGG TATTTCAACA	4920
10	TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA	4980
	CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCCTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT	5040
15	TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa	5100
	TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTAAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA	5160
	TGTCTTGtAT ATTACTTTTA TAAAATAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGtCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACTTGtGT TTTAGAAATA ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAATGGTT AAACCTCTTC	5460
	CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG	5520
	CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTcCT ATATAAAGTG	5580
30	ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTc GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTcCTA	5760
	GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC	5820
	ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATaATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT	6120
	ATATTTATTA GACTAT	6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2576 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTCTTTTAA	ACGTTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGGCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTaAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcaACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTTGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTATATAC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
50	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAATA GATAATAGTG 1860
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040
 CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTCCTCAAT ACCAACACCT GTTGCAAGTAA 2280
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400
 CAATTAACAT TCGGTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460
 25 TAGGTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520
 AAGTTGTTTC TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTGAAACG 60
 TTTTATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTC 300
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTA CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360
 50 AGATTGTTC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTTATAATC 420
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTAGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATT GTATTGGGC 960
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GGCGACACGT AACACTTTAG ATATTTCAGC AGTACCAATT TTAAAAAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAARsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAA	1680
	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
15	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAAAGAT TGTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAATATAA TAGATTCACA CATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTCA	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTTCGTAA ATTTTTCCAA AAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAACATAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACT TGCTCGTGGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGCGCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

	CCACAAC TTT CTAGTGTAT TCAACCATTATATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAAAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTTATTTT	3360
10	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAA CCACCTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTC TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGTTGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAAACG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

EP 0 786 519 A2

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAAGCATT	5400
	TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA	5760
30	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT	6420
	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
50	TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
	GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

55

	TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATTT GAGGTTGAGT CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT ATATTTGTGA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACAC GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTAAAAGC	6960
	TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTGA	7020
	TTGAAGATTT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTTAAC TGTGTCATAT CATTTCGTAG	7140
	AAAGCATTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTT	7200
	TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC CGATTTAGTC GACAAGTTTT TAACAGTTTCG TTATTATATG AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT AGCTACAAC TACATATTAT AAATGCATAA ATTAACAACA AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC TCATTTATCA GATTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCA AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCAATACA	7560
	AAGCTAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTATG	7620
30	TAAGTGGAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGTTTATG	7680
	CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTATG	7740
35	GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGCGA CTGGTGGTGG TTATGCGCAA GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT CAACTTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAAC GCAAATAATG	7860
	CATTGTCTGC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACTTAGA CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACACTAGAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA	8160
	AAGTGGAAGG TGCACTTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT	8220
	CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TGCGAATATC GCACACGGTT	8280
50	GTAAGTCAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTGG TTCAGACTTA GGCGCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG	8400

55

EP 0 786 519 A2

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GCGGTTGACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCAAT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGAATATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTTCAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCT AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
10	TTGAACCAGC AACTGTCAAT TTTACAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
15	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCAGTA TCTAATGGTA	10740
	CGAGAGAAAGT TAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCGGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCCGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA	11340
35	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1316 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCAATTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCAATTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATTG TCTATTCAAT CTTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTACATCATG TGTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCAGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCA CCCATATACA CTCTGAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 7972 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTng GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
30	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTCCTGTA GCTAATGCCG	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTTCTG CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTATAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTCTGAAT TAAATGAAGA CTACTGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAACAATG AACTTACAG	1380

EP 0 786 519 A2

	ATTAAATGA	TGAAATGAA	AGTTTATGAT	AAACATTCAA	CAGTCAAACG	AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT	AAACCCGTTT	TTAACTGGTC	AAGTTCAGTT	TAAGGCTCTA	AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA	TTTGGAGGTT	TTCTATGTT	TAAAGATTTT	TTAATCGAA	CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT	ACAGTACAAG	ACTCTAAAAA	TAATGATGTG	CCTGCAGGTA	TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG	TGTAAGAAAA	TTATGTACAC	AAAAGAATTA	GCTGAAAATT	TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT	GATCATCATA	TTGCTTTAAC	TGCGTATAAA	CGTATAGAAG	CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA	TTTACAGAAT	TCGATAAGGG	AATGACCTCT	GCGAATCCAT	TAGATTTTCC	1860
15	AAGTTATTTA	GAAAAAATTG	AAAAGGACCA	ACAAAAGACA	GGTCTTAAAG	AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA	GCACAAC TAG	ATGGTATGAA	ATTTGGCGTT	GCTGTCATGG	ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA	AGTATGGGAT	CGGTTATCGG	TGAAAAGATA	TGTCGCATCA	TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC	CGTTTACCAT	TTATTCTTTT	CTCTGCAAGT	GGTGGTGCAC	GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT	TCCTTGATGC	AAATGGGTAA	AACCAGTGTA	TCTTTAAAC	GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA	TTATATATAT	CATATTTAAC	ACATCCAAC T	ACTGGTGGTG	TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA	GTTGGTGATA	TAAATTTAAG	TGAGCCAAAA	GCGTTGATAG	GTTTTGCAGG	2280
	TCGTCGAGTT	ATTGAACAGA	CAATAAACGA	AAAATTGCCA	GATGATTTCC	AAACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA	GAGCATGGAC	AATTGGATAA	AGTTGTACAT	CGTAATGATA	TGCGTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA	ATTCTAAAAA	TCCATCAAGA	GGTGACTAAA	TAATGTTAGA	TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG	AAATTCGAAA	TAAAATTGAA	TCTTTAAAG	AATCTCAAGA	TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC	AAGAAGAAAT	TGACATGCTT	GAAGCGTcAT	TGGAACGAGA	AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA	ATCTAAAACC	ATGGGATCGT	GTGCAAATTG	CGCGTTTGCA	AGAAAGACCT	2640
	ACGACCCTAG	ATTaTATTCC	ATATATCTTT	GATTGCTTTA	TGGAACTACA	TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG	ATGATCCAGC	AATGATTGGT	GGTATTGGCT	TTTTAAATGG	TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG	GACAACAACG	TGGAAAAGAT	ACAAAAGATA	ATATTTATCG	AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC	CAGAAGGTTA	TCGAAAAGCA	TTACGTTTAA	TGAAACAAGC	TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA	TCTTTACATT	TATAGATACA	AAAGGTGCAT	ATCCTGGTAA	AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC	AAAGTGAATC	TATCGCAACA	AATTTGATTG	AGATGGCTTC	ATTAAAAGTA	3000
	CCAGTTATTG	CGATTGTCAT	TGGTGAAGGT	GGCAGTGGAG	GTGCTCTAGG	TATTGGTATT	3060
50	GCCAATAAAG	TATTGATGTT	AGAGAATAGT	ACTTACTCTG	TTATATCTCC	TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT	TATGGAAAGA	CAGTAATTTG	GCTAAAATTG	CAGCTGAAAC	AATGAAAATT	3180

55

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
10	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTTCG ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAACT TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAAGAAA TTCAACTAT	4020
25	CGGTATTCTT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGATTTTGA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC AAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAACTTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGTAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAACCTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG AAAACTTAAT	4980

55

EP 0 786 519 A2

TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT 5100
 TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA 5160
 5 AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG 5220
 TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC 5280
 TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCCGAAAT 5340
 10 TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATCCACC 5400
 TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC 5460
 15 AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC 5520
 AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTATCTGG 5580
 TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT 5640
 20 ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA 5700
 AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT 5760
 TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG 5820
 25 TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT 5880
 TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA 5940
 CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT 6000
 30 TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT 6060
 TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT 6120
 AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC 6180
 35 TAACCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA 6240
 AGAAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTGGTTTGA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT 6300
 40 TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC 6360
 TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT 6420
 TTCCATTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT 6480
 45 AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGTATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT 6540
 TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACCTT CACTCATATT ACTTTGAAA TTTATTATAA 6600
 AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG 6660
 50 TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA 6720
 ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC 6780

55

	CTTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA	6900
5	TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGCAC ATAAATGTAA	6960
	AATTCAATAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA	7020
	AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACACTACC	7080
10	AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT	7140
	TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA	7200
	TCATCCAAAA ATGATGTTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG	7260
15	TCGTAGAATA GAATAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA	7320
	AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT	7380
	TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA	7440
20	TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTTGTGTG	7500
	GAAGAAAAGT ATTCAAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAAA CATTATATCG	7560
	TGACTTAGTT GAAGAAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC	7620
25	AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGGTAGTCA TTTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA	7680
	TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA	7740
	GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTTGATGA TTATTCCGAA AGAAAAAATA AATATGAAGA	7800
30	ACAAAAATCG ATTCCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA	7860
	ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT	7920
35	TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTT AA	7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

	ATTTTTTAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT	60
50	ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA	120
	CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA	180
	CAAGGATATG CGATTTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT	240

AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATGTGA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC 360
 CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA 420
 5 TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT 480
 GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG 540
 TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT 600
 10 CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAA 660
 CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG 720
 CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTG ATTACTTCTA 780
 15 CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA 840
 TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG 900
 20 CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC 960
 CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG 1020
 CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAt CTCGGTTTAT 1080
 25 GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAATA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCA 1140
 AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA 1200
 ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG 1260
 30 aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA 1320
 GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGTGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG 1380
 kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT 1440
 35 TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA 1500
 TTGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA cACGTGTCTT TAAGTTTCCT 1560
 40 AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTGTACAT CAAATGCAGT TGTATAATC 1620
 TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA 1680
 TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC 1740
 45 AATGTATTTA TTTGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT 1800
 AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG 1860
 GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTATT TAAAGCCTAG 1920
 50 AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA 1980
 ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT 2040

55

GTTGATTAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTGA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCAGG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGTTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTTCAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGTACC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAAAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
 35 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTTCTT 600
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
 TTATTAANAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780
 TGAAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
 CGATAAATCA TAGTACCAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGGCA	TATGAATGTC	TTTGTAAATTA	TGGTTGTCTA	AGTAATGACG	ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA	CAAATGTGTC	GTAGTCATT	CAATCTGGTG	TAATGGCAA	GTTGTATTTA	1200
5	GGTGAATTG	CTGATGCAGT	AGTCCACTCT	AGAGTACGAC	CAAGGCCATC	CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT	CACGTGGAGA	TTTGAAGTGA	CTGTATACGA	TACTAACAAC	AAGGAATAAG	1320
	AATCCGATTG	CCATTAATAA	TGCACCGATA	GTTGAAATTA	AGTTTAATAA	GAACCAACCA	1380
10	TCTGATGGCA	TATAAGTGTA	TAAACGACGT	GGCATACCAT	CTAATCCAAG	AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC	AAACGTTAAA	TCCGATCATG	AAGAACCAGA	AGCACCATT	GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT	TGTAACCCAT	CATCTTTGGA	TACCAGAAGA	TTAAACCAGC	TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC	CAGTAACCAA	TGTATAGTGG	AAGTGAGCTA	CTAAGAAGTA	CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT	CAGCTGATGC	CATTGCTAAC	ATTACACCCG	TAACACCACC	TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA	ATGCTAATGA	GAATAGCATT	GGTGACTCAA	ATGTAATACG	TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA	ACCAAGTTAAA	CAATTTTACA	CCAGTTGGAA	TACCAATCAG	CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA	ATGAGTTGAT	TAACGCACCA	TTACCCATTG	TGAAGAAATG	GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC	TAAGGAACGC	GATACCGGCA	GTTGCCCAT	CCATACTTTG	ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC	GAGCGAATGT	CGGGATAATT	TCTGAGTAAA	TACCAAATGC	TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA	CTTCAGGGTG	CCCCCATACC	CAGAAGAAGT	TAGCCCAAAG	CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG	CAACTGTGAA	GAATGCTGTG	TCAAATATTC	TATCAGTTGT	CATTAATGCT	2100
	AACGCTACTG	TTAAAGGAGG	GAAAGCAAGA	ATAACAATTA	ATGTAGTAAT	AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA	TTGGCATTG	CATAAACTTC	ATAGTTGGTG	TTTACATCT	TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT	TGATACCTGT	AGCTAAGGTA	CCAAGCCCTG	AAATTTGTAT	AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA	CACCCGGACC	AGGACTGAAT	TCACCTGCTA	GTGGCGCATA	GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG	GTGAACCACC	AATAATAAAT	GACAGGTTGA	ATAAAATCAT	ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA	AACTTACGTT	GTTTAATACT	GGGAATGCAA	CATCACGTGC	TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA	CGATATTCCA	TAAACCAAAG	ATAAATGGCA	TTGCCATGAA	GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT	GTGTACTAAA	AATTTGTTA	TAGTGGTTAG	ATTCTAAAAA	TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA	ATTGCGCACG	AATAAGTAAC	GCATCAATAC	CACCACGGAC	GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA	TTAAATACAT	AATACCGATT	TTCTTATGGT	CTACAGATGT	GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT	ATTTCCATAA	TTTAAAGTAA	GTAATTACTG	CGATTAAACC	AATAACTAAG	2760
	AATGGGCAC	CAATTTGTGC	CATTGTAATC	ATCAGTTAC	CTTAACTAG	TAATTGATCC	2820

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT	2940
	ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG	3000
5	TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT	3060
	CTTCACTAGT GAAGTTTGGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA	3120
	TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTAA AATTCTAAAG	3180
10	CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT	3240
	TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCTG AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA	3300
	ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG	3360
15	TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC	3420
	CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG	3480
20	GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA	3540
	AGAACCATTG GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG	3600
	GTGGTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA	3660
25	TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT	3720
	CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAG TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA	3780
	AACAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA	3840
30	CTGGCCCTTT TCGGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC	3900
	CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT	3960
	GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA	4020
35	AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT	4080
	TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T	4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9310 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50	CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT	60
	ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC	120

EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAAAATGCT	TAGGTTATCG	CAAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTCGGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTGAG	840
	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAc	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
40	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	GCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTGCCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTGTAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTCGGTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAAGTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTGTTCACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

	ATTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcaAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
40	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTTTAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTGA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTGCGTATG ATTTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAAGAG CATTGGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGCTTTCG AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

	GTTGAAGGCG	CACAAAAAAT	TTATGACTTA	TTTAAACCTA	TTTTAGAGAA	AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG	ATGATATCCA	AATGAACTTC	GATAAAGTGA	ATCAATTATT	GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA	ACGGCGGTTA	TGAGTCATTT	GAAAAAGTAT	CGAAGAAAGA	CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG	CTGTTAATGC	ATTAGGAGAG	CCACTAAGTA	AAATGGCTGT	GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA	TGAACAAGTT	AACGATAGTA	CGCAATTTTC	AAGACGTACA	TTTTTGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT	TGGCGGTGCC	GGTGTGCAA	TTGGCGCAAG	TGGTGTGGT	AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC	AATGTTCAAT	ACACCAGAAG	ATCCGGAAAA	AGATGCGTAT	GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA	ACCAGGCATT	ACCACACCCA	CGCAAAAAAC	ATGCAATTTTC	GTTGCGTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC	AAAAGATAGA	GATGCAATTA	AGGCAATGTT	TAAAAAGTGG	ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT	GATGGATGGT	GATACAGTTG	GCAAGCCGAG	TAACAATCCT	TTAATGCCAC	6180
20	CAGTAGATAC	CGGTGAATCG	ATAGGATTAG	GTGCAAGCAA	GTTAACGATT	ACCTTTGGGA	6240
	TTAGTAAGTC	TTTGATGAAG	AAAATGGGT	TATCTAGTAA	AATTCCCGAT	GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA	TTTTCCGAAT	GATCAGTTAA	TAGACGATTA	CAGCGATGGT	GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG	CTCAAATGAT	TCGCAAGTAT	CCTTTCATGC	GGTTCATAAT	TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGA	TATTGTAAAG	GTACGTTGGG	CGCAATCTGG	TTTTATCTCT	GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC	TAGAAATTTA	ATGGCATTTA	AAGATGGAAC	AATTAATCCT	AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA	AGATTATGTG	TTTATTGATG	ACGGATGGGC	GAAACATGGA	ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG	TATTCAAATA	CACATTGAAA	CGTGGGATCG	TACTGCGCTG	GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT	TGGTCGGAAA	CGACATAGTG	GTGCACCGTT	AACAGGTGGG	AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA	CTTAAAAGCG	AAAGATAGTC	ATGGCGAGTA	TATTATTGAT	AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT	AGCGAAAGAA	GCAATACGT	CAATTTTACG	TAGAGCCTTT	AATTATGTGG	6840
40	ATGGTACGGA	TGACCGCACA	GGTAACTTCG	AAACAGGCTT	ACTTTTTATT	GCTTTTCAAA	6900
	AAGCGACAAA	ACAATTTATC	GATATACAAA	ATAATTTAGG	TAGTAATGAT	AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC	ACATAGAGGT	TCTGCTTCAT	TTTTAGTATT	ACCAGGTGTT	AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG	TGAAACATTA	TTTGACTAAA	TTTGTAGCAA	TGCTAATAAC	TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT	TTGGGTACT	GAAAAGTCAG	GCAGCAGAAC	AACAAAGTAT	TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA	TAACGGATGC	GAAATCTGCA	CTTCTAATA	ATTCGATATC	GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG	CAATTGAGCA	AGTGGTAAGT	GCAGTTAAGA	AATTATCGCT	TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA	ATGCTGTCAA	ATCAGATGTG	AGAAAGCTTG	AAGATGCAAA	AGCGAATGAT	7320

55

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTCACT TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTGCGAT	7680
10	AAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCCA TTAAAGCTAT CGACGACAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAACCTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAA TTAAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTGA	8040
	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTCG ATTATTATTT AGATTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GAGTGTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT GGTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
45	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCAC 9300
 5 AATTGATAAA 9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGAGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60
 CCTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTTG AAGCTGAGTT 120
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180
 AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420
 CGATGATAAA GTTGACAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCGA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540
 AGATGTAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600
 35 GAGAGATTTT TTAATAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080
 50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
10	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCT	1560
	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACCTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAC	1860
20	AATCATTTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTTAA TAAAATATAA GGTCACCGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTTG TGTTTCAAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTAaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGCyCT	2340
	AAAAATTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAG	2580
	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55

EP 0 786 519 A2

	ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT	3120
	AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG	3180
5	ATAAAAATTT GAACATAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA	3240
	ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT	3300
	TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT	3360
10	GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTITT AAATGCTGAT	3420
	TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA	3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25	GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC	60
	ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA	120
	TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT	180
30	ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG	240
	ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG	300
	ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACCTG TGGTACTGTC ATACCTACTA	360
35	CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTGTGTTA TGCGTGAAAT	420
	ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTGTACAGT	480
40	TAGTAACATC TTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT	540
	CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT	600
	TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTTAACTT CCTCTTCTGT TTYCTTACGT CCAGGTAATG	660
45	GAATATCAAA TTYCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG	695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

5	AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCTAA TGCAAATAAT	60
	AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC	120
	GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA	180
10	AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG	240
	AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT	300
	GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG	360
15	TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG	420
	TGCAAAAATT GTGGAATTCTG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA	480
	GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT	540
20	TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA	600
	TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT	660
	TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC	720
25	TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTG ATGTTGAAGT	780
	ACAAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT	840
30	AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGA	875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5897 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40	TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT	60
	AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC	120
45	ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA	180
	TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT	240
	AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTGA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT	300
50	GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT	360
	ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT	420

EP 0 786 519 A2

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATTC AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCTTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
10	CTTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
	AAACCATCCAG TTAAAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATTC GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTCAATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAAC	2220

55

EP 0 786 519 A2

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
10	GATTTAGTGA TAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
15	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
	AATTTGACTA TGCACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAAATTT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGCTGAA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTGGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT TTTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTTATTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAAACT GCATGATATT CCTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTGA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTTACG TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTT GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACAATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTCA AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAAATA AAACAACATAT	5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7965 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTAAATTG TTTTTCAGAG TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAAT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCAGCTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTAAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGAATG CTCTGTATAT GTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTTGCCG CTTCTTTTTC ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCGA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCAATTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTTAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTTACC TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC TATACATTTC TGTCTCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAECTAT	1800
	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAAATA CCAGAAAACT TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
	AACAACITAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTTAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
20	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTT CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAACTCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACTTTTC CCTTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATWCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
40	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAACGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

	CCAAACTTTA	TTTTATATTA	ATATTTAATT	AATGAGGATC	TACCATATCT	TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC	AAATTGTTCT	TCTGTAACAT	ATCCAGTTTG	AATTGCAGAT	TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC	TTTATGGGCT	TTCTTAGCAA	TTTGAGCTGC	TTTTTCATAA	CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC	AGTAACTAAC	ATTAATGATT	GATTTAAATA	ATTATCAATA	TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT	GCCCACTGCA	CAATTGTTAT	TAAATGTTTC	CATACCATCA	GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG	TAGTGTATTA	TGCATAATAA	CTGGTTTATA	AACATTCAAT	TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAAct	TGCGAACCAA	CAACTGTATC	ATTACCCATT	ACTTGGACTG	CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA	CATTGTGTAG	GATTAACTTT	ACCAGGCATA	ATTGATGAAC	CTGGTTCATT	3660
	TTCAGGGATA	GAAATTTCTG	CCAAACCAGC	TCGTGGCCCT	GAAGCCAACC	ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT	TTCATTAAGT	CTCCTGCTAA	TGCCTTCAAT	GTTCCATGCA	ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC	GCTGTAAGTG	CGTGGAAATTT	ATTTTCAGAA	GATACAAATG	GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA	ATATAATGTG	CCACTTTATC	ACCAAATTCA	GGATGCGCAT	TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC	GTACCACCGA	TGGCAAGATT	TAAATGTGTC	TTCTTAGATT	CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA	CGGTCAAGCA	TATAACGCCA	GCCACTAATC	TCTTGTCCTA	GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT	TGTAATGTG	TACGACCAAT	TTTAATAATT	GAATCAAATT	TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA	GTATTTCTTA	AAAGTTTIAA	TGCAGGTTCT	AATTTTGTTT	CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA	ACGTGCATAG	CAGTTGGGaa	TGTATCaTTC	GaACTTTGAG	ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATtk	GGGTGGATAC	TTTCATCACT	TTGATGATCT	TTTAAATACA	TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT	ACTTCGTTCA	CATTCAATTT	ACTTTGTGTA	CCGCTTCCTG	TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG	AAGTGTTCAT	CTAATTCACC	TGATAAAATT	TGATCACATG	CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC	TTTGCCCTCGC	TTAATTTTCC	TAAATCAAAA	TTAGCTATTG	CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT	GCAAAACCAT	AAACTACTTC	GATTGGCATA	CGCTCTTTAC	CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA	CTTCTTTCTG	TTTGAGCACC	CCAATATTTA	TCTGCAGGTA	CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA	TCATGTTCAA	TTCTTACTGA	CATTCAATTT	CTCCCCTTAT	CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG	TATATCATTa	AATAATTTAA	TTGAGCAATT	TATGATTAAA	ACGTTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT	AAAAATACAC	TAATCGCAGC	TGTTCAACCCT	TTATTACAGT	GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT	GTGTATCTA	TCATTATTIA	GTTATTATTG	AACTAAGTTT	AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA	GTAGCTTCAA	CCGtAGCAAT	AGCTGTAAGT	ATATATAATA	CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA	TATGGATTTA	GAGCAACAAG	CGTaCCTAAA	ACTCCTGTTA	AACTCGCATA	4920

55

	TACAATACCT	GATTGATTAC	TTTAAATGAA	TGTTTGCGCA	TTAACATCAT	CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA	TTGAGTTGTA	ATTTTATTAC	TTTGAAAATA	ACAGGTAAAT	ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT	GGAAAAGCTT	TAATTGATAT	TAAACTTATA	ATAACTGTTG	CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG	TATTTTCCTA	ACATAAATAT	ATAAATCTCC	TCTAATTTCA	TTCTTCAATA	5220
	GCATATCATA	ATCTTGGCAT	ATTAAGAAAC	GCGGTTTAAT	GATTTTCATTA	AAAATATTAC	5280
10	TGATAGATGA	CTTCTTTCAA	TTATGTCTGG	AGTAATTAAT	TATCAATTCC	GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA	TTTAAATTTG	AACTTTTGAT	ATATTACTAT	GTCTGGTACA	CAAATCAATG	5400
	TTTTATGCTT	TACAAAGTTA	TATTGGCAGT	AGTTGACTGC	AGTCCACAAC	ATAGAGGCTT	5460
15	CGGAATGTCA	GCTTCTATTT	CATGCAAGTT	GGTGGAGCTC	CAACATAGTG	GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT	ACAGACATTG	CAAATTGGGG	AAACGGGCCA	CAAACTCAGA	AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT	AAAATAACAT	GCAAGTTGGC	GAGGCCCCAA	AATAGTGAGA	TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA	GACATTGCAA	ATTAGGGAAA	CGGGCCACAA	ACTCAGAAGT	TGGTGGAAG	5700
	TCAGCTTAAA	ATAACATGCA	AGTTGGCGGG	GCCACAACAT	AGAAAAATTG	GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC	AATGTAAGTT	GGGGAAACAG	CCCCAACACT	GAAACTAGCA	GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT	ATAATAAAAA	AGCTAGGTAA	CRAAATGCTA	CCTAACTTCA	TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT	ATTTGATATA	TGTTCTATAC	TATACATTAT	TTACATGATA	AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA	TTATAATACT	TTACTGACTG	TCTTCTTCAG	AATTCPTTTC	TTGATCATT	6000
	TGATCAGAGA	TTGTTCCAT	TTCTTTACCT	AATTCPTTTA	AATCTTCAAA	ATCCGTTACC	6060
	ATACTGTTTT	CTTCTTCATG	ATAATTTAAT	TTTGGATCTT	TGTCTTTAGA	CATAATCAAT	6120
35	ACCTCACAGA	TTTTTAATTA	AGCAAAGCGT	GACGTAAAGT	AAGCTTTAAC	ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG	CGCTTCTTT	ATCAAGAATA	ACATTTACCA	TTCTATGTGC	TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA	AGCTTGTTTT	ACCATTTTCT	TGATATAATT	TTTCAACTAC	ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG	TCACTACTAA	GAAAATTTCT	CTTGCTTCCA	TTAGTCCTTG	ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT	TACCTTGCTC	ATCGATAGAA	ACAACTTGTA	ATGTTAATTT	CCCTTTATTT	6420
45	TGTTTAGTTT	TAATCTTATC	AGCGATTAAT	TCGATTGCAT	CTTTTTCATA	AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC	CTGCTGGTAC	ACCTAACGCT	TCGAAATATG	ATTTTTTATC	GTCAATATCT	6540
	AAAATATTTA	TTGGCTAAA	ATCAACAGCA	TGTTTTTCAA	CATTTTCTTT	TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG	CTTGATCTGT	ATCTAAATGA	AAACCTGCAA	TTGTAGTAGG	ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC	TAATAATATC	AGCAGCATAT	TCTGCTACAA	GTTGACTATT	GTCAAAGACT	6720

55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC 6840
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACCTA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTCG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080
 10 TGTCAATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200
 CAAATTCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260
 15 GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGgCAA TGTACCAGT 7320
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTGACC AATGGCCCCA TAAGCAGTTG 7500
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560
 25 CTTCAITAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620
 AAGCACCTGC AAGgTGACCA TATGTTTGT TGAATCTTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCCA 7800
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTTGTTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTAAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300
 AAATTTAATT ATCAGTGCGA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840
 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900
 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAAATAAAT CTGTAGAGGT 1020
 25 TACTGTAAAA GTTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260
 TAAAAGTGT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCACTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120
 TTAATAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240
 ACAAAGTACC ATCGTTCACT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600
 TAAAATCATG TGCTTGTACA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 10 CGATAGATAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 15 CAATTTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTACCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 35 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTa AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 45 ACACGTCAAT TGTGTGTAA TCTCGTTTtA ThTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTTCA 420
 ATTTTCGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTTAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTGGCTT AACGTTTCGA 660
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAATAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCAG GACTTTTTC AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTC ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTCAT GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGTA TATCACTTTC AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGA CTACACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGT	1860
35	TCTTGACTG CTTCAATGGC AACTTTTCAAT TGATCTACCC AGTTTAAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCGTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTC CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC	GAATACGCAT	TTCTCGTAAT	GAGCGTACCA	TTTTTTCTTC	TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG	CGTGTGTAGA	TAATTTTACG	AGTAATGAAT	CATAATAAGG	TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA	AACCATCTCC	AGCATCAAGA	CGTACACCAA	AGCCCCCGCT	TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG	TTCCAGTATC	CGGCATGAAA	TCATTTAACG	GATCTTCTGT	TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG	CATAGCCTAA	TGTTGTAATA	TCTTTTGTG	GCGGCATATT	AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT	CGGCACCTGC	TGCAACTAAA	ATTGTGTCT	TAACAATATC	AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG	TAATTGTATG	CTCTACTTGT	ACACGAGGGT	TAACCTCTAT	AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG	ATACTAGAAA	TTCAACAGTA	CCTGCATTGA	CATATTTAAT	ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG	CAGCATCACA	AATACGTTGA	CGTAATGTTG	ATGATAATCC	AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA	CAACTTTTTG	ATGACGACGT	TGTACTGAAC	AATCACGTTT	AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT	CATGTTTCGT	ACCTATGACT	TGTACTTCAA	TATGCTTTGG	ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA	TGTAAACTTC	ACTATTACCA	AATGATTTTT	CAGCTTCTGA	TTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT	CTTCTAATTC	ACTTTCTTCA	CGAACGATTC	TCATACCTTT	ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG	CTTTAATCAT	TAGCGGGAAA	CCAGCTTCTT	CTGCAAATTC	TTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT	TAATTGGACC	GTCTGTACCA	GGAATAACTG	GTAAATCTGC	CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG	CTTTAACTTT	ATCTCCAAAC	ATATCTAAAT	GTTCTAAATG	AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC	CTTCTTCTGC	ACAACGACGC	GCAAATTGTT	CATTTTCACT	TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT	GAATCGCATC	CACATTGCTT	TGTTTTGCTA	CATCAATGAT	ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC	TTTCAGCAGG	ACCTAAATCA	CTTCCAACTA	AATAGGATTC	ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA	ATGAACTTTT	GTCTTCATTC	GAATAAATTG	CAACTGTGCT	GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG	CTCTGAATAT	ACGAATTGCA	ATTTCTCCAC	GGTTAGCAAC	AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT	TCAATAGCGA	TACACTCCTC	AAACTATTAG	AATTTTCTAA	CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT	TATCTTAAAG	CGCTCTGTTT	TGCTATAGTt	mTGTTTTcMAA	TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT	tGAGACAATT	AAAaCCyCCG	CTTcMGAaAT	AATAATTTCA	AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA	GGTAGTTCCA	CGTTTTTGTT	GTGAAACATT	TTCGATTTCT	ACAACCTCTA	4080
	AAAATTAAAA	ATAAAATTGC	AAAACATCAA	CATTTATTAT	CAATAGCGAT	AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG	ATTCTAATTT	CGCCACCACA	TTTAGTAATT	TTTAGTCATA	AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC	GTTGTTTTGT	TTATAAAATT	TGATAATCak	GAGTAATCtC	GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG	AAGTTAAGCG	TTGTTTGGTT	GcCTAACTTC	CGTTATTGAA	CTCATCcAGT	4320

EP 0 786 519 A2

	TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT	4440
	TGTTGTTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA	4500
5	CCCATAGCAA TACTTAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC	4560
	ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA	4620
	AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA	4680
10	AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT	4740
	AAACCTAATT CTTGCAAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG	4800
15	CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA	4860
	AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC	4920
	GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT	4980
20	ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT	5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1389 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

	CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA	60
35	ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT	120
	TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaaCTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT	180
	TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA	240
40	ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC	300
	AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT	360
45	AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA	420
	AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA	480
	ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTAAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT	540
50	ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT	600
	GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA	660
55	AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCGA	720

EP 0 786 519 A2

	ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG	840
	CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTGACGCG AAGATGAGCG	900
5	AATTAGCTGG AATAAACCCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG	960
	GCCAGTTGCT TATACAACCTA TGGATGACAC TAACCTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT	1020
	TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT	1080
10	TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA	1140
	GAGAATGTGA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCACAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT	1200
15	TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAATGAA	1260
	GGTGCATATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG	1320
	GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT	1380
20	TTTTATTTA	1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

	TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT	60
35	AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT	120
	GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT	180
	TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG	240
40	ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT	300
	CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCT CATCGCTAAA GATTTAGACC	360
45	AAATTAAAGA TAAaATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGraAAAGGG kTTTATTTTG	420
	aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGaNa	480
	AAGAAAGTGC TAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC	540
50	CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT	600
	TAAAAAACTT CAAAATTwGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTCAGTA	660
55	TGGCAGCATT ATTAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC	720

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GGC GTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAAC TTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
10	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACTTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAAC TTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTGTGTC ATTTGATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCA	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAAGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640

TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700

5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 900 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAAATTGA 60

20 AGTTTGAATT TTAAAAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAAA GAAATTCATT 120

TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180

GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240

25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300

ATATTCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTTG AACACAAAGG 360

TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420

30 ATTGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480

ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540

35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600

ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660

ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720

40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780

AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840

45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3642 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGTGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTTTAGtCG cTTTATGcCC tTcTATTAAA CtCGGaActA	120
5	AAAATGaTGa CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTTGATGG CcATTAGACA	180
	CAATTTCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTGCCC AATCCAGATA	360
	ATAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTCATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAAAT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTTAA CTTCGCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TrTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAT	840
	GATATATTTc TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTTCaATT AATGCTTCAC GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAATAGCA TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT TGAACCATTT GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAATATGA CTCTTCTTAG CTTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTGTGTC	1140
	AGCATATTTc AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG CTGTGACCCA	1200
	TTcATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTTAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACTGTTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTGAT TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTc ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740

EP 0 786 519 A2

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TTGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTCA	GATTTTTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCCC	TTACAGGCAT	ATnACTCCCC	TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT	TATTTTTGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATTT	TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC	AAATGTCGCG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCATTTTCAG	GAAGTTTGGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCGCTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT	GAAAATTTTA	AAATATGTCT	GCTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT	TTACTTTGCA	CTTGCATACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTGTTGTCG	TTCGGTAACC	3000
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGCA	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTCAATG	3060
40	tTGCGCCACA	TTTACTAAGA	AACACGTACC	TAAGTTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGTA	CTCACTTATG	3240
	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCAAGTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTGTA	CATTATGCT	3420
	CCTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTtATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTTCTTGG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTT ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAACCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440
AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500
5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560
ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620
AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680
10 GATGTTAAAG TAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740
ATTGTTAAAG TAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800
15 CATGACATGG GCAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860
GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATT 1920
TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980
20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040
TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCG 2100
CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACAACCTGA GGTCACTACG CTTCCGTTGCG 2160
25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGgt ATTGGgtTCT TTAGTATTAT 60
40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120
CTTTTTGCTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180
45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240
GGAAATGAA AAAATTTTAA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300
ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360
50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTA CTAACAT TAACAAAATC 420
GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAA CACCTTTTAA TACAGGACGC 480
55 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACCTT TGCCCCCTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTGG ATTCTTTTTA TTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGATATATT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAACAACAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAACAAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGCGTATTAT CGAAGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATTCCTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCGG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 30 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TKAATTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTGCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCGCTTC 180
 55 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

	CTTAATCTTC TGATTGCTT TKTCTTTTCG	TTCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC	ATGCACTTGT CCGCKTskTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT	TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT CTTTTTCATC AGTACCAATC	ATCGTCTTAG CCTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA	GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA	TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTTC TAACATGATC TAAAATGCTC	ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT	AACTATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT TCGTCATATG AGATGAAAAA	GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTAAAT	ACACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA	ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTCGGTCC TGTAATAATT	ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTTAAT	AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
30	GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT	TGTTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCAATTCA	ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC	CCATTAAAAT CTTGTCGATA TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCCTAACT	GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGSC TTTTAACAAT ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA	CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA	GTAAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
45	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT	TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
	AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT	GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC	TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAAAAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA	TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCAC TAATA	1980
55	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT	TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTG GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTGCTAC	2820
	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
25	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080
 TGAACCTTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTAAAC 4620
 TGTGTCATTT ATAATTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680
 25 TGA CTGGATA GTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740
 AACAACACAA TCTCTATAGA TGA CTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920
 GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60
 ATGACAAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAACT 120

	GGTATCTTTC	AAAGATAAAA	TCTTAATAAT	TTCTTAGTAA	ACTCTTTTCT	CTAGATTTAT	240
	CACAAATATTA	TATAGACCTA	TTTTATTTTG	ACGTAAGTTG	CTAGTATCTT	CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA	AAATTCATAC	CTTTATGCTA	TCGCTGTAGG	CTCATTAACT	TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC	TATCCTTTGA	TGATTGTTTT	ATTAGATTGT	TTCGTTGATG	GATACTTTCA	420
	CGAATTTCTA	TAGTTCAATG	CTACTAAAAA	AACAGCCCAA	AACTTTAATT	TGTTTTGGAC	480
10	TGTTTTATAA	TTATGCTTGC	GATGGTGTTT	TAGTTTCTGA	AGTTTGTTCA	GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC	TTTACCATCA	TGATCTACTG	TAACTTTCTT	ACCTTCAATT	TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA	TTCACTTAAA	TTATCTTCGA	TAGTTTTTTG	TATCGCTCTA	ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA	TTCTGGATCA	TATCCTTCTT	CTGCGATTTT	GTCTTTCGCT	TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT	TATGTTTTGT	TCAGATAATC	GATTTGTAA	TTTATTAACC	ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT	TAATTCCTTCT	TTTGTTAGTT	TATGGAATAC	AATGATATCA	TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC	TGGACGGAAT	GAATTTTTTA	ATTCTTTTAA	CATCGTTTTT	CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG	TCCATCACTT	GAACCACCGA	ATCCAGCAAA	TCGTTGATCT	TGTAATTCTT	960
25	GTGCCCCAAC	GTTTGATGTC	ATTATGATAA	TTGTATTTCT	GAAATCAACT	GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT	CAAATGTCCA	TCATCTAAAA	CTTGTAATAG	AATATTAAAT	ACATCTGGAT	1080
	GAGCTTTTTTC	AATTTTCATCA	AATAAAATTA	CAGAATATGG	TTTACGTCTA	ACTTTTTTCAG	1140
30	TTAATTGTCC	ACCATCATCA	TGACCAACAT	ATCCTGGAGG	AGCACCAACT	AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT	TTCCATAAAT	TCACTCATGT	CTACACGGAT	CATCGCATCA	TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC	AGCTAAAGCT	CTAGCTAATT	CAGTTTTTACC	AACACCAGTT	GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT	ACCAATTGGT	CGTTTAGGAT	CTTTTAACCC	TGCACGGGCA	CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT	TGAATTAACA	GCATCTTTTT	GCCCAATAAC	TCTCTCATGT	AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG	AAGTTTTTCA	GATTCTGTTT	CATTGATTTT	AGTTAATGGG	ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT	AAC TTCAGCA	ATATCTTCTT	CTGACAATGA	AGTTGaCATG	CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA	TTCATTTTTA	GCTTCCTTCAT	ATTGCTTTTC	AAGTTTGTGTT	TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC	AGCATTTTCA	AACTCTTGAG	CATGTACTGC	GGCATCTTTT	TCATTTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT	TTCTTGTTCA	ATTTCTTTTA	AATTATTAGG	TGTCGTATGA	CTCTTAAGTC	1740
	TTACTTTAGA	ACTTGCTTCA	TCAATTAAAT	CAATTGCTTT	ATCTGGTAAG	AAACGATCTG	1800
50	AAACGTATCT	GTTACTTAAT	TTAACAGCTG	CTTCAATAGC	TTCGTCTGAA	ATATTAATAC	1860
	GATGGTGTGC	TTCGTAACGA	TCTCTTAATC	CTTTTAAAAT	AGCAACTGTA	TCTACTACTG	1920

55

	TTTTGCGATA TTCATCTAAT GTAGTAGCAC CAATACATTG TAATTCACCA CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA AATATTCGAA GCATCGATAG CACCTTCAGC ACCACCAGCA CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC ATCAATAAAT AGGATGACAT TACCTGCTTG TTGGATTCTT TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG CTCTTCAAAT TCACCACGAT ATTTAGTACC TGCAACTACT GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT AACACGCTTA TCTTTTAAATG TCTCTGGTAC CTCATTATTC ACTAtGGcT	2280
10	GCGCTAAACC TTCAGCAATA GCAGTTTTAC CAACACCTGG CTCTCCAATA AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT ACGTCTACTT AATACTTCAA TTACACGTGT AATTTCTTTA TCACGTCCTA	2400
15	TAAACAGGATC TAATGTACCG TCTTTGGCAA TGACTGTAA GTCACGAGCT AAACTATCTA	2460
	AAGTTGGAGT ATTATTTGAC TTACTAGCTT GTGCATTTTT ATTACTCATT TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT CACAACCTGT GCACGTGCTT TAGTAATATT TAAATCTAGA TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC AACACCTTCA TTTTCACGAA TCAAGCCTAA TAAATATGT TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG ATGTAATTTT CTAGCTTCAT CCATCGATAA TTCAATGACT TTTTtagCTC	2700
	TAGGTGTATA ATGCAATGTA CCAACATGAT CTGACCATG TCCGATTAAT TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC TTTATCTTCA GTGATATTAA AACTTTCTAA TACTTTTGCA GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT CATTAAACCC AATAATAGGT GTTCTGTTCC TATATTTGAA TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC TTCTTGGGCA TGTGCTAATA CCGCTGTGC ACGCTCAGTT AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA TAATGACCTC CTACTTTATA TGTTCCTTGA GTATATCTGC TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT TGTCATCTTC TTCATCTAAT AAAAATGGTG ACTGTATAGC TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT TAAAGTTTTG TAATTCAATG TAATTTAAAT CTATACCAAG TTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA AGAAGCCTCT TCCATAGTTA TCATTCTACA GTTTTGTAAG ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC ACGGTCTTGT GTTTCTAATT GATTATAAGT GTCTAACTTT TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC ATGAATGATT TGATTAAACAA CTCTGTAA TGTTTCTATG ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTIACC AAGTGTAAGT TGGTTGGATA CTGATAAGT ATGTCCATAA ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA AATACCTCTG ATTGTATATC CAAAACGATT AATGGTTTGA GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT CATAATAGAT AGACCTGGCA AATGTAGCAT CACGCTTGCT CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT GGTAGGACAT GTAGTTAAAT AACCAAGTTG TTCATCATAA CTTATATCAA	3540
50	GGCTTCGATC TAATTCATCA TCAATTGATG AAGCTTGATT ATATAAAGCC TGTAATGTCTG	3600
	TGTCAGTTCC CATAGCTTGA ATACGAATAT GGTCTCTTC ATTTATCATG ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC ATTCACTAAT ACTGCGGCTG CTGGTTGTTT TATTAGTTCA GGACTAATCA	3720

55

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATACTCT AAATCCCATC ATTTTCAGTA 3840
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAATACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960
 TCGTCATCA TGTTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAAT 4020
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC 4080
 10 GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140
 AAATGTCCA CCTTGAAGCT TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGCATA 4200
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAACCTTGG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT 60
 TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTC CAGTAAATA GGTCAAATTA 120
 30 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180
 TCTTGTTGTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240
 35 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300
 ACATTTCCCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTC ATTTTATTGG GGACCCAAAG 360
 ATTCCTGGTT GTTCATTCTT TAAATGCGTA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTTACA 420
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAACT CAACACTACA 540
 AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT 600
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACCACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA 720
 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA 780
 50 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTCACC 900

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTTAAaATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAaATTAA CTGACACACT CATAATTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGAAAA ATTGATTCC 240
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAaATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTThAAAT TTTATAAATG ThTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAAC GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320
 ACCAGAACAC ACTATTCACT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAAATAAT CTATTGGCAA 1380
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1329 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120
 25 AATTAATGAC TGC GCAACCT TAAAATAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420
 35 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA 480
 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTAT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840
 GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCCGGTCTG ATGGAAAATT	1200
TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC	1260
5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA	1320
ATTTTTACG	1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG	60
TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT	120
GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA	180
25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA	240
AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC	300
AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC	360
30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT	420
ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAACCTCG CATAAACATA AATAACATAA ATCCTATAAT	480
GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA	540
35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC	600
CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC	660
40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA	720
CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATC	780
ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT	840
45 TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTCTTTATA TTTCACAAAC	900
GAAATGCGTT TACTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA	960
ATTTATCaTA GCMGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCMGCGG AGACTAAAAT	1020
50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA	1080
AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA	1140

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	CTTCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTCAG	TGAAaTGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTT	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAACTGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGCTGT	TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAACTGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAAC	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAAA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940

55

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060
 GGTGACTATA TTTCAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT 3120
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360
 TCTACATCAG CATTTCAGA TGAATTGATT GnAAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420
 15 G 3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAAGTACC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTAT 60
 TTTCCAATAA ATAAaCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300
 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360
 TAAACAACCT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

	ATTTTGTCAA	ACTCACAAAT	CGTTTCAGCA	CCACTAATAT	GAACATCTTG	ATTGCTAGAA	1020
	CGCATTTTTA	TACTATACAT	GACGATCACC	TcAATCTTCT	TGaTGCAAAA	TTTCAAACAA	1080
5	CCTATCTATA	TCTTGTTTCA	TATGAAAATA	CGACAATGAT	ATTCTTAACA	TTGGCTTAGT	1140
	CACAGTtGGA	TACCTTAAAT	AACTTGTAAT	CACATGATGC	TTAATAATG	TTTGATGAAT	1200
	GTTCTCAGCC	GCTTCTATGT	CATCAAACCT	AATAAACTTA	ATCGGCGAGT	TTGaACTATT	1260
10	ATAATkaACA	TTGAGTGCTT	TTAACTTTTG	GTTAAAAATAT	TTACTCAAAC	TATTTAATTT	1320
	AGTGCGTCTA	TCATCAGCAT	TTATTAACTT	TTCAATGTTT	CTTTTTATAA	AATACAAATT	1380
	ATAAATTGGC	AACTACTTTG	AGTAGATGAG	TGGTCTACCG	TGATTAATTA	aCATATCCtT	1440
15	CaCATCaTTT	GaACTkaAAA	TcACACCCCC	GTATGCACCA	CATGCTTTAG	ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA	TCTACACCTT	GATAATTCGA	GTAAtTCTCT	ATtCCAAAC	TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC	AGTGTGCGT	TAnATTTATG	CTTTAATGAG	ACTAATTGAC	CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA	TTCGTTGAAA	ATACACTATC	AGATATGATT	ATTTTTGGTA	TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT	TCTAACCTTT	TTTCTAAATC	AGCAATATCT	AAATGCTTAT	ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA	CTTAACCTAA	TACCGTCAAT	AATACTCGCA	TGATTTTCTT	GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA	TTTGATTTTT	TGAAAATATT	AAATAACGCC	AAATTAGCAT	CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA	GTACATGcAC	TATATCCGAG	CCAACCTGCT	AACATTGTTT	CAATTTCTTC	1920
30	ATAAGCTGTC	GAACCTCCAC	TAATTAATCT	TGAACCTGAT	AAGTGATAAC	TATACTCCG	1980
	CATAAATCTT	TCGAAATCAT	CCTTATCAAA	CGCTATTTGA	CCTAATCCTA	AATAATCATT	2040
	AGATGTATAG	TTCTGATATC	TCTTATTTTC	TACTTCAATA	TACTGTCTAT	CTATATACCC	2100
35	TACCGATTTA	AGCGACCGAT	ATAACCTTTT	CTGTTGTAAT	AAATCAATTT	GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATTCTT	GTTTTCTTAA	TTTTCACAA	TGTCATAATC	AATTTCAAAG	CCTAAATCAT	2220
40	TAATCATATC	GTAGTCTAAT	TGGTTCGGTT	GCCCCACAGT	AATTAGATAA	TncACCGACA	2280
	AATATTGAAT	TCGCCGCTTT	TAATGCTAAT	GGCTGTAACG	AACGTAAGTT	GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA	TACGAATTTT	TTTCGTAGGA	TTGATTAATC	GGAATAATGC	TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA	TTGGTGTTAA	ATCATCCATG	CTTCCAAACT	TTGTGCCTTT	GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA	TCGGAATACT	GTCGGCATCC	ATTTCTTTTA	AAGCAAATGC	CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT	TAGATTCTCC	CATACCACAA	ATCAGCCAG	AACATGGTGA	TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA	GTTCTATCGT	ATCTGTTCTA	TCTTTATAAC	TATGCGTTGT	CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT	TTTCACTTGT	ATTAATATTG	TGGTTATATC	TGTCTACACC	AGCTGACTTA	2700

55

EP 0 786 519 A2

	TGTTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT	2820
	CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT	2880
5	CCATCGATAA TTTGTTCTCTC TGGAAATTAAA GCATATCGCT GTTTTGTGTT AATATCTCGT	2940
	GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG	3000
	TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA	3060
10	TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATTTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT	3120
	tCCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAAACAC TTCCTATCTA AAA	3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1694 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25	CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA	60
	CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT	120
	nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCAATTTAGA	180
30	GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT	240
	GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT	300
35	CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA	360
	AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT	420
	TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT	480
40	AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG	540
	TGTTGTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG	600
	TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT	660
45	CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTTCTCT ATCACCAaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA	720
	TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA	780
50	ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA	840
	TTTATAcGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAAACGGC CTTACCTTCC	900
	ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA	960

EP 0 786 519 A2

	ATTTCAATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG	1080
	ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT	1140
5	CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT	1200
	AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT	1260
	GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG	1320
10	TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG	1380
	CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA	1440
	TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT	1500
15	AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT	1560
	tGATCATTA TCAATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT	1620
20	GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAAAACC GACAATAGCT TCAACAACAG TAATACTCTG	1680
	TTCCATCTCT TCTG	1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1358 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35	AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA	60
	CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGT CAGATTGTA CTTATTATCA	120
	TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA	180
40	CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTGCA CATCTACTTC TGCATATTTA	240
	AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC	300
	AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA	360
45	AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT	420
	TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTCGCAGG ATCTAAATTG	480
	GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA	540
50	ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTGCGT GATTTAAATG TTCTATCATG	600
	CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA	660

	TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT	780
	TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG	840
5	TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT	900
	TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT	960
	TGAAAACATA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT	1020
10	ATATTCAATT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT	1080
	AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT	1140
15	ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT	1200
	CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTGCGAA TAATTTGACC	1260
	GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG	1320
20	TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAC	1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

	TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTC AAT TGTCACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG	60
	AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC	120
35	CACATATGAC ATTGAGAGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG	180
	ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGAACG	240
40	CAGCAGAAGT AATGAGCAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTC TACAGATAT	300
	GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG	360
	TATTTCAATTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT	420
45	TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA	480
	ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGtTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT	540
	GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT	600
50	AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA	660
	CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC	720

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGaTGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
15	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTCAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTTGA TTTCCGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAGGA TTCACCTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAAGCTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCTCG CATTCTATAA	3000
15	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTIACTCA TTATGGCAAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAATGATT TGTATTTCAT 4500
5 TCGATACCCA TTTAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
TTACTTGGCG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTCTTCAG CAATTTCTAC AATTTCTAGT 240
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540
TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
40 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAATATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTACTTCT GGTATGGGTG 900
45 GCGGAACTGG TACTGGTGCA GCACCACTCG TTGCTAAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
TAACTGTTGG TGTTGTAAT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATT AAAGAAGCTG 1140
ACAACTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	AAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACCTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
35	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTG ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACC GCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTCGGG GGACTCTTAG GTTTTGTCAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTAACATA ATCACCATT TTCTAGTTGT 480

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAACTAAATT	720
	TATTGATTGG GGTGTCCTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTTCTTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
15	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGTC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
35	TTTATTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTCT GAAATGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTC TTTGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTTGGA TTAACAAACT CGGTGTATTA GATTTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
50	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT	2160
	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
55	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

5 ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC 2400
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA 2460
 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT 2520
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTATAC 2580
 10 TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTAG 2640
 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC 2700
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA 2760
 15 AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT 2820
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT 2880
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT 2940
 20 AAAATAAGGC TAAGTGTAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT 3000
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT 3060
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG 3120
 25 AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA 3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

35 GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG 60
 40 ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG 120
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA 180
 45 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT 240
 TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA 300
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC 360
 50 GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC 420
 TAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTTT 480
 55 ATTAATTAAT TGTAATAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTAAATATT AAAATTAAC 540

EP 0 786 519 A2

	ATCGTTTCAA	TATTACTTAT	AGGGATGGCT	ATCAGTAATG	TTTCGAAAGG	GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT	TCTATTTTCG	TACTAGTTGT	TTAGTGTTAA	CTTTAGTTGT	AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT	CAGCAAATGC	ATCACAAACA	GATAATGGCG	TAAATAGAAG	TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG	TATATAGTGC	ACTTnCAACT	AAAAAATTAC	ATAAAGAACC	TGCGACATTA	840
	ATTAAAGCGA	TTGATGGTGA	TACGGTTAAA	TTAATGTACA	AAGGTCAACC	AATGACATTG	900
10	AGACTATTAT	TGGTTGATAC	ACCTGAAACA	AAGCATCCTA	AAAAAGGTGT	AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG	CAAGTGCATT	TACGAAAAAA	ATGGTAGAAA	ATGCAAAGAA	AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA	AAGGTCAAAG	AACTGATAAA	TATGGACGTG	GCTTAGCGTA	TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA	TGGTAAACGA	AGCTTTAGTT	CGTCAAGGCT	TGGCTAAAGT	TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA	ACAATACACA	TGAACAACTT	TTAAGAAAAA	GTGAAGCACA	AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA	ATATTTGGAG	CGAAGACAAC	GCTGATTCAG	GTCAATAATG	CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT	GCTGCTAGTG	GCACTTTTAT	AATTTTTAGA	TCACGATATG	ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT	TAAAAAGTA	AATAGTATCA	AAAGTAAGTG	TATTTAATAT	TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA	TTTAGTATTA	AAATGGAATG	TTACTATATA	GTTCAATGTG	TATTATCACA	1440
	GAAAATAAAA	TAATGCTTTA	CTTCTATATT	TAAAAGTGTA	TAATGAAAGT	TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA	GAAAAATGTG	AGTTATTTAT	ATAGAATATT	CTCCTTTTCA	TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA	TATTTAGTGC	AAAAGCACGA	cGGAGGTATT	CAATATGaAT	AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT	TAATGCAGAA	AAAGGTTTTG	GTTTCATCGa	AAGAGAAGAT	GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA	CTTctCAGCA	ATCGCTGAAG	ATGGATACAA	ATCATTAGAA	GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT	CGACATCGTT	GAAGGCGACC	GTGGCGAGCA	AGCTGCAAAC	GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA	ACTTATTCAA	ACAGTCCTTA	CTATAGGGCT	GTTTTTTTAT	GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT	GGTGTGGTAA	AAGCACTAGC	CGTTATTTTT	TTGTCCAATA	AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC	AATATATAAT	GTTTCTAAAA	TAAATCGAAC	TGATGGAAAA	GTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT	CCGACTTTTG	ATTTTGAATA	TAAAAAGCG	CCAATACAGA	ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT	TAAAGTCTGT	ATATGGCGAT	AACAAGAAGT	AATGTTAAAC	ACTCAAAATG	2100
	TTTAACAATA	ATAGGATACC	ACATCGCATA	ATATCTTACT	ACTTAATTAA	TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT	TTGTTAATTT	TTTATTAAGA	CTGATTAATT	ATTGAGAATA	TTTATTGTTT	2220
50	TTAAAACTC	ATAATAATTC	AGTAATCTTG	TTTTCATTTA	AAAGGCGAAA	CATTAATAA	2280
	ATTAAATAAA	AATATTGCGT	TTAATTTACA	GCGTCAAATA	TACTTATTC	TAATGCTTTG	2340

55

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460
 TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTGTGA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTC AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640
 GTTATCGTCC AAAAATTAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAATAT TGGGCCTCCT 2880
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAACATTTT 2940
 GATGAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAATTATC 3000
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTGTG ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTGGCC 3240
 ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTGCAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTGTA 3540
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTTCATT TATAGCACA 3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60

CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180
 ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCCTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC 300
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT 480
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540
 15 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600
 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCAATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCCG GCTCATTACC 720
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAac ATgaCTTACG 960
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080
 30 TTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCATT 1140
 TGATTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380
 40 CCGTAAATTA TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440
 TTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCACTT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAGTT 1620
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1294 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAG CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTG TAGTTCGGT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACCTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTGCG TTGTTTCATC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTCTG TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnaACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGt TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAAACACG TTTTATTATT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAAtTagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGGAACGATT AGATTACTGG CTA CTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTAAAGAAA AATATTGAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860
 GATTGTGCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCTA AACAAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCAATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTnAACG 300
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600
 ACAACACCTT ACGATTnAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTnGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCnTTT 840
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTnAAGTA TTATTTnATA 1080
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTnGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATnTC 1140
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATnTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTGTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTGTAGT TGTAAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTGC 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAATCCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1639 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTIATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTGTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780
CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
25 ATTGGCATT AATAACGCTT CCAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGTTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
30 TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
ATCCATTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1816 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
AGTAATCCAT ACTGATTGTG TGTACATCCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACCAAGATAT 240

TTCTYTATTT GTAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420
 5' TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAaAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660
 CTACTTTTTTC AAAC TCAaAT TGTTCCTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAaCTTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTCAAGTTG 1020
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACTT 1080
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320
 ATATATATAA AATTTTCAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTTCGTT TCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAaCTTTCA 1440
 TGGCTACAAG CATTCAAGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTGTTGGT GATTTTtagT TTGATTATAT 1560
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTTGATGA 1620
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680
 45 TTAAaATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740
 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9956 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAKTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAG TAATAATGAT CATTAAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTGTCACT ACACGTGAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATT CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTCACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAA CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTAAATATG CTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAGTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

	TTTCAGCTTC	GATTTACACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCACG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACCTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTAA	CGCTCATTAA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTGCGGA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCG	TGtTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATT	AATGATTGAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCGT	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TTCGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGCGCTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTC	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT	ACATTTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAATAA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGTA	GTCTTCCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACTTTGCTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTCAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTCG	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTGCGAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
45	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACCT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
55	TGCTGAATAT	ACACCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTTGAC	TCATCGTAGA	5220

EP 0 786 519 A2

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
30	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCAGTGT	6240
	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCTTAGACG AGACCTAAGC TGTATTTCGT TTTAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACTATGT ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTC ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTC CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATTC ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTATG GTAACAACTA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACATCAT ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTAA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTGATAC TCGAGTTCCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACATATC AACTTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAAACAATTA AGCCACAATT CAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAACTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCC ACCAGACTCA AGTTCCTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCCTTCT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTGTA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCAATTTA GTTTTATATG TTACTGGTAT TGCATTTATT CTACTCAGTG TTTTGGTTC 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCCGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAATTA GCTTTAAAAG cttCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTC TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720
 TTATGTTTCAG GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTCTTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 30 AGATTAAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATTG TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTC CATTCTTGCT TTCTGA 9956
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300
 55

	AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCAATA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGCAGCA	840
	CCATTATTTT GATGTGATGT TATGTTTAAA AAGTGCGGTA TCACTTCAAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
25	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
	ATATGAACTT AATTATTTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAT AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GCTCTCGACT GGCACGTGCT CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTATACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTGTGTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA CATTAATAAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAATAA AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTYGTTGAC TTGATAAACC GaAAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TnnATATTA A 2411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GCGCGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCAACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480
 35 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360
 ACAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCAGC TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTATT 480
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTAC 540
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

ATACAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180
 GTGAACAAGA TTTAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTATTATTT AAAAATGGTG 240
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AACTTAGTT CATGCGAAAG 300
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAC 720
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

```

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG      60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA      120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA      180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT      240
TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCCGACAT TGATCATTTA      300
AGACTTTTAA TCCTTGTC TC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG      360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT      420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG      480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT          534

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

```

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT      60
TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT      120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT      180
TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA      240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT      300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA      360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATT C AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGCGTGGCTT      420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA      480

```

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
10	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCTTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACTTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTAG	TAAGATTGGC	AAACTTTGGT	GCATTGTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCATATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGcGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
50	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTATTATT TTTATGGTTA 2400
 ACGTGCCTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820
 15 CTGGTATGCG TAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880
 CTTTAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000
 TTGTCGTAAT TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTAG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCAATTA 3420
 35 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480
 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGcAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600
 40 TATTTAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

AATGCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180
 ATGGCATTG TTACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAAACT TGGTACTGAT 240
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420
 10 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480
 ATCACTTGTC GTGTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTTA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540
 15 GCATAATCTC CTGTCTCTG CGTCAATTTA CTGGGTGTCG TTGTTTTAAC TAACGTAGCG 600
 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTC AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2524 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTcAGGcYg TGCAAGGGCT TTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTAT CGTGCAAAGT 60
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300
 CCGATGTCGT AAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360
 40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600
 AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660
 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TGTTTCAGAT TGTCAATCAC 720
 50 GTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

EP 0 786 519 A2

GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG 960
 ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG 1020
 5 ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGCAC 1080
 TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCT AGATTTATTC ATTGTTACAA 1140
 TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA 1200
 10 TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC 1260
 GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG 1320
 ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT 1380
 15 ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG 1440
 TTAAGTGGC ATTTTATAGGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTAAAC AATCGTCGTG 1500
 20 ACCTTGGTGG ATTGATTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CnAGTCGTGT 1560
 TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG 1620
 TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA 1680
 25 AAAGTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAAATAA TCTGAGACAC 1740
 CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTGGA TTAATAATACC 1800
 GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAATGAGA CATCAAATTA 1860
 30 CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC 1920
 TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG 1980
 35 GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG 2040
 GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC 2100
 GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAAGACCA GAAGATGTGA 2160
 40 TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA 2220
 ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC 2280
 CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT 2340
 45 TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG 2400
 GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGTAaACaTC 2460
 ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA 2520
 50 ATGG 2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTGTTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGGTGAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCG	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTAAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCAT	1140
CGTTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAA TTTAATAGAA AATAAATTG	60
10	ATCAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGATAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTTGCACA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAAGACG ACGTTGTTTT	540
	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
25	AAGTAGTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTGTGCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAATGATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

	(A) LENGTH: 10813 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
40	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

	TACCTTTTCT TtTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCCtG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACCTGGGA GATAAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55

	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTGCTACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAGTATA TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAACTT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTT TTCTTCAACT ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTCTTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGTAG TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTTATC CCCTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTAAACACAG TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTTCGAT TCGAATGTGA AcATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACCTTTAT ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT TAACCTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATT TTTATTGAA GAGCATTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTTATAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTTAA CGCTAGTGGA ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT	2100

55

AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT 2220
 GTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACTTTTCT TTAaaATCGC 2280
 5 TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT 2340
 TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC 2400
 CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG 2460
 10 ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC 2520
 CTAATTCCTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA 2580
 15 CTTTGTACC ACCGCCAAGC ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC 2640
 GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCAGC ATACTGTCCG TCACGACTCG 2700
 CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG 2760
 20 CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG 2820
 CCAATACAGA AGCAGTTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCCTG 2880
 CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG 2940
 25 ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG 3000
 CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT 3060
 TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC 3120
 30 CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG 3180
 CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA 3240
 TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC 3300
 35 CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT 3360
 TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT 3420
 40 TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA 3480
 ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA 3540
 AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT 3600
 45 TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA 3660
 TTGAATAATT GTCGTTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA 3720
 ACGACAAATC ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT 3780
 50 GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG 3840
 ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC 3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
5	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTGAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGCTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTGTA CGAAGAACAA GATGCTGTTT	4920
30	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTCTG GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCTTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCT	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTT	5700

55

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
5	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTT CACAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTCTGTA GACATTTCAT CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCTTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTC TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AAAGTAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTCAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

	GACACAACAG	CTGTTTCAAA	AATGATTGGT	ACAACTGCTG	GTTATGTTGG	TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA	CGTAACTGA	AAAAGTACGC	CGTAATCCAT	ACTCAGTCAT	TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA	AAGCAAATCC	ACAAATTTTA	ACATTGTTAT	TACAAGTAAT	GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG	ATGGTCAAGG	TAATGTCATC	AACTTTAAAA	ATACAATTAT	TATTTGTACA	7800
	TCAAATGCTG	GCTTTGGCAA	TGGCAATGAC	GCTGAAGAAA	AAGATATTAT	GCACGAAATG	7860
10	AAAAAATTCT	TCCGCCCTGA	ATTCCTTAAC	CGCTTCAACG	GCATCGTTGA	ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG	ATGCATTGCA	AGATATCGTC	AACTTATTAT	TAGACGATGT	ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA	AAGGTATTAC	GATGGACGTT	TCTCAAGATG	CGAAAGATTG	GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG	ATGAAGAATT	AGGTGCACGT	CCATTAAGAC	GTATTGTTGA	ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA	TTACAGATTA	CTATTTAGAT	CATACAGACG	TTAAACATGT	GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA	ACGAATTAGT	CGTAAAAGGT	AAATAACGAC	ACTTTAACAT	ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC	ATCAGGTCGC	CCTTGCCGTG	GCTCATTTTT	TTAATTATTT	CCCTGGAAAA	8280
	TGATTCGCTG	TGTGCTGTTT	TGTTCCACAA	CAATCACGAT	TAATGTCACA	TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT	TTGAACGCTT	GAAAAATTTT	ACTAGTGTAT	ATAAGGCATA	TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA	TTAAAATGTT	AATAATGACT	GACACTTTAA	CCACTCCTTA	AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT	GATAAAAAAT	GAATGTTAAG	ACATATGCAG	TGACTAGAGG	ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG	TCCATTTCCA	TGAATAAGTC	TCTTTACGGA	TTGCTGCTAC	TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT	ACAATAGTAT	AAATATCATA	AATGCATACG	CAGATAGCGG	TGTGAATTGA	8640
	TTTTGAATCA	CATTAACAAG	GCCTGCATCA	CCTGATGAAT	AGATAATCGC	CATCGAACTT	8700
35	ACGATAACTT	CTTTTGCTAA	AAATCCTGGC	ACTAACGTAG	CACCTGCTTG	CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG	GTGCACTAA	CATACCAAAG	AAACTACCAA	CCATATGTAA	AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA	CATTGATACC	ATGTGGTCCT	ACATAACTTA	ATAGCCAAAT	GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA	TAAATGTACC	TGCTTTACGA	ACAAAGCCCT	TAGCCTTTTC	CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG	TTTAAATGGA	AGGCACACGG	TATGTTGGCA	ATTCCACAAT	AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT	TTAAAATCGT	CTTAGTAAGT	ACTGTACTGA	CTAAAAATGC	CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT	ACAGGCTTAA	TACTACTAAA	GATTGATTCT	CTTTGAAAAA	GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT	ACACTGGCAG	TCTAGCAGAG	CATGACATGA	ATGGTGCAAT	TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCCT	CTTTTTCATT	TTCAATACTG	CGCGCAGCCA	TAATACTCGG	TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA	TAATCATTGG	TATAAAAGAC	TTCCCGCTTA	AACCGAACGA	TTCCATAATA	9300

55

AAAAAGAGCA CAACAATTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG 9420
 CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC 9480
 5 ACACATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA 9540
 ATCCATGTAA ATGTAGTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT 9600
 ATATATTTAT GTGTAAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT 9660
 10 GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC 9720
 TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCAGGTAA ACTCGACAAT 9780
 TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTATTTAA TAAGAATTGA 9840
 15 ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC 9900
 ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAATG CGGTTGATAC 9960
 20 CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC 10020
 ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC 10080
 CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT 10140
 25 AACAAATGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG 10200
 ATTCCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC 10260
 GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC 10320
 30 CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT 10380
 AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC 10440
 ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA 10500
 35 ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG 10560
 TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCTAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG 10620
 CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTAA ATGTTTAACA 10680
 40 TACTATTTTC CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA 10740
 AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTTGTGAC 10800
 45 ATTGCAAAAA TGT 10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAACTGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTGTGTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
15	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAaMACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAw CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTAAGTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCAATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTCAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTTCATA	1080
35	GGCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTG TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAGcTGTA TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
15	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACCT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGTCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTMTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTGCG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTAG AAGTGTACTT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55

	ATTTTGTTAC	GCCTGTCTTA	TCTAAAGCTT	TTACTAAAAG	GTAAGATAGG	ACGCCGGCGA	3600
	CTACTGCACC	ACTAATTAAT	CTAAATACGA	TGAATAATGT	TAAGTTCCAA	CCTGCAACTT	3660
5	CATTTAAATA	ACCATAGAAA	TAATCTATCG	GGAAAGCCGC	GATTGCTGTA	CAAAAACCTG	3720
	CTAACATAGC	TACCATAACT	GAACGTGATT	GATATTTAAA	AATTGCAAAG	ACAAGTTCAC	3780
	ACGCTAAACC	TTGTATAAAA	GCGTAAACGA	TTGTCGGAAT	ATCGAAACGA	CCCATAATGA	3840
10	TAGTTTCGCC	GGCACCTGCA	GCAAATTCAG	CCAGTAAAGC	AATACCTGGT	TTTGAATAAA	3900
	TTAGATAGCA	GACAATCGCT	GCCATGAACC	AAACCCCGTT	TGTTAATTGT	TCGAGGTGAA	3960
	GGCCTGTAGC	TTGCACACCA	TTGTAAACAA	ACCACCATAA	ATTGTAAATA	ACTGCGAATA	4020
15	CTACTGAAAT	AAGTACGGTT	ACTAGTATTT	CAGATAGCTT	TAAACCTTTT	GACATTTTTA	4080
	CATCCTCCTA	ATAAAAAAAC	GCACAACCAT	CCATAGGAAA	GTTATGCGTT	CACAATATAT	4140
20	ATTAGTAAAA	CATATGTATA	GTAACACTTT	CCTACGCTAG	TTCAAGCTAG	ATCAGGTTCA	4200
	AAGGGTTTGA	GGGCAAGCCT	CATCTCAGTA	TAAAACACCC	CTAGTGTGTG	CGATTTATTT	4260
	AATTAATTAT	ACTGTAAGAC	GTTTGTA AAC	TTATGTCAAT	AGGTTGTCTT	CATGAAATTT	4320
25	CGTTTAATTC	GATTTAAAAT	TTATAATATT	AGCATTGGAT	TTAAATTGAA	GATGTAGTAG	4380
	GAATGTTAGT	AATTAAAGAT	ATAAAAATAT	GTGACATGTA	ATAATATTGA	GCTGATAAAT	4440
	GAAGAGGGAT	ACTTATCAAT	CATACCTCTT	TAACAACAGT	GAAGAACCCG	TGCATAATGG	4500
30	CTTACGAATT	ATAGTTTATA	AGGAAGAAGA	GGGATACATG	CGCCGAGCAC	ATGCATAAAA	4560
	GCCCCTAACA	ACTAAAAGTT	GTAAGGAAGG	AGAGGGATAC	ATGCGCCGAG	CACATGCATA	4620
	AAATCCCCTA	ACAACTAAAA	GTTGTAAGGG	GATTTAAATT	AATTTAGTGT	ATCTTGGATA	4680
35	TCTTGTTTTG	kTTGaTTAAT	ATCTTCTGTT	TTTTCTTCTT	TTTTATCTTT	TAATTTTTCT	4740
	TCAACTTCTT	TAGCTTTTTT	TGCTGCTTTT	TTATTTTGAT	TTTCATTAGA	CATGATTAAT	4800
40	TCCTCCCAAA	TTGGATAAAT	ATTTATATAT	AAATCTTACC	CGGTTGTACT	TCGTTAAAC	4860
	TTTTCTAAGT	CTATAGCACT	ATTTATTCAT	TTATCTAAAG	ACAACAACAT	TAGATTAATA	4920
	TATAATGATT	TTGAGGTGAA	CATAATGTCT	TTTCTTAGGA	AACACGCCGA	AATTATTTTT	4980
45	AGCTATTTAA	TCGGTmWCGT	TcACTCTTCA	CTGGkcTCAT	TATTTTAAAT	AACTTGCCAT	5040
	TAATTAAACA	ATTAAATGGT	GGTAAAAAAG	TTGATACACA	TGTTCAATAAT	GTGTGGGAAT	5100
	TTCTGAATGC	ATTTTTAGT	GAAATTATTA	AAGTAATGAG	TCGATTTATA	GGTAATTTCC	5160
50	CtATAGTTAG	TGCAATTGTG	ATAATTATAT	TCGGTATTTT	AGTTATGTTG	ATTGGTCATA	5220
	CATTACTTAG	AACTATTAAG	TATGACTATG	ATATTTCTAT	CTTTTTCTTA	GTTATCGGTA	5280

55

	TTTTCAATTAT TCCATTTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG AACAAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAATTTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA	5760
15	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTTGTTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTACAA TTATTATGG GGAGCATTTC ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AATTIATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCTT ATTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTAA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAAAC AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
40	GAAATTTGGC AAACAaTtTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTt TTGAATTAA	240
10	TATATTAAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAITTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTGTGCG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCCAGATA TGA CTGACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTTAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTCTTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
40	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTtATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
15	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
20	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
25	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
30	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
35	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
40	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
45	CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
50	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
55	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
	AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA	840
	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTAGC CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
	TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
	TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAGTCA GGATATAAGT	1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTGTGCA TTACTIONTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 10 ATTAATAAA TGATGTTCTT GACCGTTCCTT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCATAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 30 CCCCATTAA TTTTAAATT TGTTTTTACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAAGTTG 360
 35 TCACTATCTA TTAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTa AATCTACTTC 60

	GATAATTTCT	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTGTGACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GCTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGCG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCAAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTAAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAACT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCTGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTTGAG 2280
 TCTTCCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACCTCTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATAACACC GACATATTTT 2460
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTTAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTGTT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

5	ATAGATGAAG GTGCAAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
10	GCTGATTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
15	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
20	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
25	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
30	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAAATAAT AACCGCAACT	360
35	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
40	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
45	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
50	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
55	AATCAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
60	TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
65	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
70	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
75	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
80	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAT AATAAAAATG	960
85	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
90	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATCAAGAT AAAGTATCTG	1080
95	CACCGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
100	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
105	TAGGTATTGG GTCTGAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
110	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
115	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTGTTTG	1380

	CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA	1500
	TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT	1560
5	GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGaTAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG	1620
	CTACaGCATT TGGTACtAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG	1680
	aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACcTA AAAAGAATGC TGTtATGATG GATATCTATG	1740
10	CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG	1800
	CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT	1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1600 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25	ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTtCATATG tCCTaATAAC AAAAGAATAG	60
	GTTTTaAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTa GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT	120
	ATGaATGTGA TGA CTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA	180
30	AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAAATTAATC	240
	AAAAGCTTTT TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC	300
	TGTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGAATAAAT	360
35	AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT	420
	CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT	480
	AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT	540
40	TTTGTtATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTGCG TCCTTTGATG TTCACTAAAT	600
	GTGACTTTAA ATCTTGTtCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTT AGCTAATTGT CGTtCTTCGC	660
45	GACCGTGTG TTGAATAAAT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC	720
	GTTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCAtTTTC TGTTCAGTT TCAATCGCAT	780
	TTTGTtTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC	840
50	GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT	900
	TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA	960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080
 TATCCATTGG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTTTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATCTT TTAAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTGTAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 15 CATTTGTTTC TGkAAATCAG AACCAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CcTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1227 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAAGCT TGGCAATCAG 360
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1953 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTÄTCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200
 TCAAAATATG AAGAGTGC GA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260
 TGGAAATGGC CTCTTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380
 AGTTTATTIA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GATGAAAGC TCAAATTAT CCGGTAAAG 1500
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCgTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTC 1560
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620
 20 CcACAGTTCT AATTTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAAT TATATGAAAC 1680
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATT CATTACTTAT CATTTCGTACT GTGATGAAAA 1740
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860
 CATTAAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCaNTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60
 TGTTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120
 45 TATCcACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

EP 0 786 519 A2

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GSTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTATTATATC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
15	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTTAAGA CGAATGATT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTGTGTTGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACCTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTA CTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAGAAA TTTGGTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTc TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TGC GTTAAAA	3600
40	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCAAGA CCGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTACCAA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAACT TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AAC TTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TGGCTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
40	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGCAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTTAAGT GATTTCGCATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240
 AAAGCGAGAA CAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360
 aTGCCCATTTG TACTTGTTGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420
 CGAGCTTCAG T 431

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTCCTCA CGTAGACAAC 60
 CTCCATAAAG TTACTIONATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120
 TATAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180
 ACTGTAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAnAATAT 240
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480
 TTCTGTCATG GGTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA 660
 ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC 720
 5 AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAAATGTGT TATCAAGTGA 780
 TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG 840
 TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT 900
 10 AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG 960
 GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA 1020
 TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTGAG 1080
 15 TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT 1140
 ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC 1200
 TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC AACTATTTTA TTTATGGCGT 1260
 20 GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT 1320
 TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAACGTCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT 1380
 ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG 1440
 25 CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT 1500
 AACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCCTATT 1560
 TAAATTATTA CAAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT 1620
 30 TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA 1680
 TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCCTA TATATTAAA ATGCGCAACG 1740
 TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT 1800
 35 ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCA TAATGGAGCA 1860
 AATTTATCAT CTGCAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG 1920
 40 CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA 1980
 CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA 2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4858 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCAATTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGT TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTA AAA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTGCGC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

EP 0 786 519 A2

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACCTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTTAC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTAGAAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTTCGAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCAATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTTAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTCGCT	TAACGGGTCA	2700
	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTITACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTATAG	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAATGTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540

55

	AGAAATTCAT AAACCTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAGTAGGG	3660
	GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA	3720
5	CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATACCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG	3780
	AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG	3840
	AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA rGCAATTGCT ATCATCGGCG	3900
10	AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG	3960
	AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC	4020
15	AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGctACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC	4080
	GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG	4140
	AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAAACAA CAAGCATCTG	4200
20	CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAATGT	4260
	CACGTAGAAA GAAAACAGCT GCCAAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT	4320
	TAACAACATT TAACGAAtTG AcATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA	4380
25	ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAGC	4440
	TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT	4500
	GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT	4560
30	ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGctAA	4620
	TTTAGCAGTT AAAGCaCGAG AGAAAAAACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT	4680
35	TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA	4740
	TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA	4800
	TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT	4858

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTTA AACAGTTCAT	60
TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATnATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC	120

EP 0 786 519 A2

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAA TTTTCGTTGAA TGGATTTTGT ATTTTCGTGAG GGAATCATT	600
15	GAAGGTAACA TGGCTTGGAA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAAGT GGTCCTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 1143 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTACC ATACGTTTCT 420
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600
 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAACTTCA AAAATGTCTT TGCACCTACT 900
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCATCAATT GATACAAATC ATTCAACATA 960
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 506 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240
 ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTatGA 420
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180
 AAGTTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240
 TTGATAACAA TTATCATTTG CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCCCTAG ACAAATACT 360
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCATTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA	60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTTCG TTTACAGAAC CTACGCTGAT	120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA	180
ATTGTATTTC TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG	240
AGTGTATTTC GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAAGTCAAC	300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT	360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC	420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT	480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT	540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG	600
TGAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC	660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG	720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC	780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT	840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC	862

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT	60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT	120

CAGTTTACG TCCTACACCT GCTAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTCTC 240
 CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT 300
 5 ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT 360
 CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC 420
 ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC 480
 10 ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC 540
 TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC 600
 GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA 660
 15 TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA 720
 CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTCATC AACATCAATC 780
 20 CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA 840
 ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT 900
 TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCAATA TTCGGKAAAT 960
 25 CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGA 1020
 TACCATT 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40 AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG 60
 TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG 120
 GGGGCATACC AAAAGATTTC ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC 180
 45 CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA 240
 TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT 300
 ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG 360
 50 CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTACTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG 420
 GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa 480

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTaTGTAATT GGCACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTTAn AGnaAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCCA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTTTAGGA AACTAGTGAA 60
 TATAACAAAT CCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
 CTAAACTGCA ACGGTTCTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTTCTTGA TAATCATGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AACTTGCAA 360
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCTGCA 420
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
 20 TAAGTGTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
 25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660
 AATCATAATT GGATAAGGTG TTTGTGCGTA CAGTGTTCAT ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840
 TTCGTTTTGT GTATTCACCT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080
 15 TTGATCCATA CTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTTT ACGATAAAGA 180
 AGGCTTTTGA GATCAAGAAT TAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240
 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300
 40 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAATCAT 420
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660
 CGATGGAGAT TAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGCGAA 720

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840
 AACAAAGTTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960
 GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC 1020
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200
 15 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260
 TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380
 20 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTAA ATCAAGGATT 1440
 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500
 GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAATC TGCCCTCGTT 1620
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG 1680
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740
 30 TAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2407 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60
 45 GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT 180
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240
 50 TTATTGCAAG AATATTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAG ACAACATGAT GATATTTATT 300
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA 360

EP 0 786 519 A2

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCG	1260
	TATTAATGAT TCATTTTCGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GSTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360
 30 GAAAAAGAAT TGTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATT AAATAAAGAA 600
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTGTCTCGA ATTAAAGGTT 660
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840
 GTAGCCaTGA AGAAaAGTA CGTGCCATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900
 45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960
 AAACCTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTGCT TTTGAGGCAT 1080
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

	TGGCACATAA TGTAAAAAA GGTATTATTG CTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA	1260
	TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC	1320
5	AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT	1380
	ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA	1440
	TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT	1500
10	TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG	1560
	ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC	1620
	CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT	1680
15	TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG	1740
	GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG	1800
20	GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA	1860
	TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG	1920
	GCATGAAAAA TGCGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG	1980
25	ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA	2040
	ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT	2100
	GTTAAGaAAA ACTTAGATTA TGTGCAAAA ACACCTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA	2160
30	GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAGTAA ACCGTTTAAC TGAGGATATC	2220
	CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA	2280
	GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT	2340
35	CAAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA	2400
	GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC	2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 738 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50	CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT	60
	GTGGGTAGTT TTTTGTAGTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA	120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACTTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300
 5 GATAGTTTGT ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420
 CATTCCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAT 540
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCAGCAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTGCAAAAT TGATGTTA 738

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120
 CTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAA 420
 ACCTGAAACC TGTTGTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTtagAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATTa TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATTA AATTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260
 15 CATTGGAACG 1270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACaMGTA AACAATATAC AGTTGaAATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTA A TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAC CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTCCTGT 300
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660
 45 GTGAATGACT AGGAGGATT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780
 50 TACCAGATT TGTGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG 900

EP 0 786 519 A2

	GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG	1020
	CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTTAAAG	1080
5	GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC	1140
	CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG	1200
	GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA	1260
10	AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA	1320
	ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA	1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1383 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25	AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT	60
	CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAAACAT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG	120
	TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC	180
30	CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT	240
	ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG	300
	TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATCCA	360
35	AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT	420
	AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC	480
	TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA	540
40	AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA	600
	GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG	660
	TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA	720
45	AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG	780
	CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC	840
	TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC	900
50	TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA	960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAnGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTC TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 415 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAAna TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGTTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCGGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAT GGckGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 50 aTTTtATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGTC 1080
 TTAATGTTC TTCTATTAA TCGTGTGTTT CCATTCGTC TAAAAATGTC CytATATTCC 1140
 T 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTAT GTTGAAATGA 120
 45 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTCTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

ACACAACTCG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAAAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAATAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTTCA GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAATAATA ACTTGCTTCG TTCTAAAAGG 480
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 35 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTA GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCATA 1080
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAC TTT AAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCTTGTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTTAAT ATTCCGATTC      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGA GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAAGTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAAT AATTGAAGTT 540
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 630 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
 TATAATTTTT TCTTTGTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
 AAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
 GAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTACTAAAAT GACATGAAAG 480
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
 TCGTCACTTT TACCTGTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
25	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTT AGCGTTAGcA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
45	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgcTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGGTGGT	1560

55

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTAAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTACAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTCGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTGTGTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTAAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
50	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAgGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTAAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAAGTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCaGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAaRgWtAaR GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGa TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTA CTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATACAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAaMCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
50	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAaTAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

	ACCATTTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT	5280
	TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA	5340
5	TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT	5400
	GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA	5460
	CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT	5520
10	CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT	5580
	GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC	5640
	AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT	5700
15	ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA	5760
	TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT	5820
20	TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA	5880
	TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA	5940
	AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA	6000
25	AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGaTATA GaAATGcTTC TAGGCTCTAA	6060
	AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT	6120
	TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT	6180
30	AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT	6240
	CACGATTTTA AATG	6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45	GTTGTTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT	60
	TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT	120
	CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA	180
50	ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA	240
	TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA	300

	TGTATTTGTT	CAGCTAATGG	AAAACGACTA	TTTATCGTTG	AATGGATATC	TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC	TCGCTGTAA	AACTGCAATT	TTTTTAGGAA	ACTTAGGTAT	TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT	CAAAACAACC	TTCTTCAGTT	AATTTTTTCT	TTAATGCTTC	TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC	CTATACCATC	TAATTGCATT	TTATTTACAT	AAATTTGATA	GTTTCCACGA	600
10	CGTTCAAAAA	CAGAAACACG	TGCTTCTAAT	AAGACTTCAT	CTCCTTCTTT	AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG	AAGCACTACC	TTTGAACATC	ATGGCACTTA	TAACGCTTTC	TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT	ATAAATGaCC	ACTTGaATGc	TTTTTGAAAT	TTGAAAGCTC	ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT	GGAGATGTGG	ATCTTGATCA	AATTTATATT	TAATATATTT	CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA	AATAATCTGA	CATATAACAT	CACTCAATTT	TATTTTTTTA	TATTACTCAA	900
	TACACCATTT	ATAAATTTAT	AATGATCATC	ATCACTGAAT	TGTTTTGTGA	ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCAAT	ACGACTTTAG	CAGGTGTATC	ACTGTGTAAT	ATTCATATG	TTGCCATTCT	1020
	TAAATAATA	CGATCCGTTT	TTAATAAACG	TGCAATAGTC	CAATCTTTTA	AATAAGGACT	1080
25	AATTGTCTCG	TCTAATACAG	GTTCTGTGATC	TTTAACGCCA	GAAACTAGCC	AATGAATAAA	1140
	TTCGAAGTCT	AAATCTGGAT	TATCGTCTTT	AATAAAGCTT	ATCGCTTCAT	TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC	TTCATTTCTA	ATTGAAATAA	AGTTTGAAAA	GCTTGCACTC	GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT	TTAACTCCT	TCAAACGTTT	GTATTTTTCT	TTATTTAATT	ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT	ACTTTTCAAT	AACGATTGTG	GTAATGTGAA	TATTAATTTG	CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA	TATTAGAAAT	TGAATTAAAA	ATTGACGTTT	GAATTTTGTT	TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA	CACCATGTTT	TAATGCACAA	TATACATCTA	TATATATGCC	ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT	TTAAATCACG	GCTTAAATTT	TTACGACTAA	CTTTTTCTAA	ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG	CAAAATGGCC	AGTGATGCCT	TCGACTTCCG	AAGTAGCTAT	ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA	CTTCTGGCGC	TATTTCTACT	TTACCTAATT	TTGAATTTGA	ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA	TGGATTGACC	TCCTATTAAC	CTTCATCATT	CATAATGCTA	TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT	ATTAAATTTA	CCGCTTCTAA	ATATATCGTT	ATTCAATAAT	TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT	TGTATCAATA	CCAAGAACCA	CAAATTCATT	TAGTGACGCA	ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC	ATCTCGTGTC	GGTTCATGTA	TGATTAATTT	CGCTACCATC	GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT	CGTATAATTA	GTATAACATG	CTGACTCTAT	TCGAACACCA	TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA	TTGCTCmATT	TTACCTGGTG	ATGGCATAAA	GTTCTTGTA	GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT	AAATTCAATT	GCGTGTCCCTG	TTAATTTAAT	ATCTTCTTGT	TTATACGGTA	2100

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT 2220
 CATTTAATC ATATATAAAC TCAATTGTTT CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTCGCTG 2280
 5 CACGAAGTGC GGCATTTCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340
 CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCACGTTCT CCTAAATGAA 2400
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC 2520
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580
 15 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG 2640
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACCTGG AACATTGGCT TTGATCATTT 2700
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATACTT GGTCCAATGA 2760
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820
 AACC CGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTTCA 3060
 TTATTTTACC TTAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCTGCTT CTACTAAGAT 3120
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180
 AATACACACT GTTGTTCAT TTGAACAGT GTCCCCAAT TGACATATG CTTCTTCGTC 3240
 35 TGGAGATGGC GATTGTGAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATGTTT TGTGATTATC 3300
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCG TTAAGTTGA 3480
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540
 CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600
 45 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAACCAC ATTTTAAATT 3660
 AAAAACACTT GTGTATTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA 3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1705 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCTTTT TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTC TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTAAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
20	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGCGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTCATGCA TGTCAATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTAATGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA ATATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1722 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTCAACAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA	1200
50	TAAATTTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTtagC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

CGAAWTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TGC GTTCCTC 1440
 CGTCTCTTC AAATTTATTT GTAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTG TTAAC TTTCG 1500
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCTATG CATGAGTTGC GAATATCTA ATGTCGTGAA 1560
 CTAATTATAT AGAAGAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTC TACTCTACCA 1620
 AACTCTCTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680
 10 TAGTACTTCC TTA CT TAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCGT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60
 25 GAAAGCGACc ATTyCAATAC GAATtTGat AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGT TTT TTTTA GGGATTATG TCCAGCCTG TTTTGTGA 180
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA 240
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300
 CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360
 35 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420
 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG 480
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTGAT 540
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCGCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCAATGT TAAATGGGTA GGTTGCAACT 960
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTCTA 1020

EP 0 786 519 A2

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CITTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATTAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCCA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
30	AATCACGACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGCGCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTGTGTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA YTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
50	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATTC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAAA TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT TGTCATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT TaTTATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGGAAGTCn ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTGG CATTGTTAGA ACTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTGCAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTTGATATCC CTATTTGAGA	3840
30	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTTAA TAAGTCmAAG TTTTAAATTT TCAAGGTAC CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATTC CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATA	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnTTGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTCatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA ACcATACCAT	4440
	GTTAAGtTGC CcGTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTTGAATCa ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

55

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGA ACGATACGCT 4800
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGCGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAA ATTCCAACAT 5040
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220
 TTGTTAAATA TGAGAAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1261 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT 60
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGCTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300
 TGATTAACTA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAAC GTTGCAATT CATATCAATA 480

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAACCTGAT CAAGCAAACCT TAAATAAAAT TGAAAAATGTG 600
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AAACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
 15 AGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200
 AATATTTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGCTGT GTTAACTAG AAAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AAnAGAnAAT TACTAAGATT AAATCnTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180
 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAALa TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTA AAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTTCATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGAATAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTTGTC CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGTA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
35	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTtATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTTCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AAAGTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTGTGTC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGACTA GTCAGTTTGT	420
ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTTAAT CTTATTTTGA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTTTAGATGT CGTTTGTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGGCTTA GTGGAATCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTTC TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 579 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5	TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA	60
	TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT	120
	ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC	180
10	ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA	240
	ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTACG TGCTGAAGAC	300
	TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT	360
15	AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATKGA	420
	TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG	480
	ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA	540
20	TCTTCTACTT CGTTAATTTC ATCCATCATT GAnCAAAAG	579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1342 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

	GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGAATTACAT	60
35	CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTCTA	120
	GGTTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT	180
	TTCCAGCTT TAGCATTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT	240
40	TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT	300
	AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA	360
	GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA	420
45	AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA	480
	TTATTTCAACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTCAAGCA GCAACTCTTC	540
	AAAAATTTCTG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC	600
50	AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC	660

TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140
 15 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200
 ATAAAGTACA TACCAACTA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1073 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180
 TGATCTkTTT TTTCTTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240
 40 AGTTTAAATA TAGCTTCaNa TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300
 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420
 45 TATTAGTGTT TCTAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480
 ACGTGAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600
 50 TAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

	TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG	840
	ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT	900
5	AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG	960
	TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGtAA GAGCGCCAAt AACATTTACA CGCGArGATA	1020
10	TTATAGaAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA	1073

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

	CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT	60
	AAATGGCAA TGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA	120
25	TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT	180
	GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG	240
	CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTAA TTTCAATTAAT ACCCCAGTTG	300
30	AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA	360
	TTACAAATGC TTGGAATAA CTGATTGAT CTACTGTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG	420
	AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG	480
35	GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG	540
	GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT	600
40	GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTGTGTT TACCAATATG TAAATCTCT AAGAAGCGTT	660
	CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA	720
	ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA	780
45	TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA	840
	TACCTTTTat TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT	900
	ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT	960
50	AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AAACCTACAAT	1020
	ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT	1080

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCtTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAACGCGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACaACC GAACATAAT AATGAATTTT TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCaACA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTtTGT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTAAATTTC ACGTATGATTA 3060
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

TCTTTATTTT AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACTTCCT 120
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AGAATATACA CATATTATTA 540
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCAATTTAGC TGACTTCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900
 45 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35

ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTTT TATCAGCAAC 1260
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320
 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT 1440
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500
 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560
 ATCACTCTCT CTTCTATTT TTGAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTTTAA TTAATCGTCA 1680
 TGGCTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAGT 1800
 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920
 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980
 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TAAAAATGAA 2040
 TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATAE GtKATTGTTT TAAAATCGT 2100
 TTCAAAGA 2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40
 45
 50
 55

GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60
 ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120
 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA 180
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240
 TATATGTACA GTTCTACGG TCATGCATTT TAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300
 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720
 GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780
 10 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGANTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 640 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAAATAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAG CAATTGTAA ATATTGCTT TTATCATTTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTAAATTT 660
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGTGATGA AATCACCAAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1879 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTGAAG TCATGTCTGC 360
 ATTTGGAAGT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT 600
 10 TAGTTTGTAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAC TAGTAA 660
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC 720
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCCTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG 780
 15 TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACTT ATAAACGACA 900
 20 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960
 ATTCAAGTTT GGTTTATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380
 AACAAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440
 35 GCTTGATCAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT 1680
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTGTA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740
 45 GaACGGAGAG AAGGGGTGTA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800
 ATaTCCAGAT aAGCCatGGG tATGACAATT aGTGGTCAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2710 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

5	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCGTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgnTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCAT CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCCTTG TCCAAATGTT GATGGTGAC CATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTAATACA CAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTAAA GTGACCAAAC CCAAACTAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

	GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTAAGTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC	1680
	AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAAGTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC	1740
5	TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT	1800
	GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA	1860
	TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGGTGCCTA	1920
10	TTTCGAGCGA TTCGATTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA	1980
	TGAACCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTTAAT GCAGCTATTA TTTTGTACAG	2040
	ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA	2100
15	TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT	2160
	ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGGAATAAAT CTTTTAAGGC	2220
20	TTATAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA	2280
	CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT	2340
	TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT	2400
25	TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTTAA	2460
	TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG	2520
	TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG	2580
30	AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA	2640
	AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC	2700
	CTAAAAAAGC	2710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45	CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAAtGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT	60
	AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCAC GTGAAAtTTT TAgTAtTGCC	120
	GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC	180
50	GCCCTCACA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG	240

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTT 420
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCCTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAAGC 660
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTC ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAAACT AGTACATTAG GAGTTTGTG 780
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTGAA 840
 AAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960
 20 GTGCTATTAA AATAATTGTt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020
 TCCATAA 1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 569 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480
 GTGCGAGCTG CTTTGTGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540
 50 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10 TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TanGGCGGGa AAATAGGaGG 60
 TTATATAGTA AGTCATTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG 120
 CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT 180
 15 TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG 240
 TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT 300
 AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG 360
 20 TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT 420
 ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT 480
 TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA 540
 25 TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA 600
 aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAAA AGCCAGGTGA 660
 AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT 720
 30 TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC 780
 AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT 840
 35 ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG 900
 TGTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCAACAAGC 960
 AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA 1020
 40 AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG 1080
 GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAGCCA TTTTAAATAA 1140
 TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG 1200
 45 CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT 1260
 GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC 1320
 ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT 1380
 50 ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT 1440

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGatG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAaAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
15	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAaAT TTATGGCACA	1980
	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCcCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTCTT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAAGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCaaATAG CTTGTTGAAT ATTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCGTAACAA CATCGCCTTT CTTTgACCA CTTATATAGA	2940
45	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTcGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
	CTAAaATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAaATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAACTGT CATGACAAAT TGATAAAACG 60
 AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTKTCACCTT TAATCACAGC 120
 ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA 180
 AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC 240
 GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC 300
 TGTGCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC 360
 ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCCTCTTC 420
 AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTCGCCCAT CATTMTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT 480
 ATCTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC 540
 TTCTTGCCCT TTTCGAATA ATTTTAAAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT 600
 GATATTAAAT CGCCATAACC CAATCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA 660
 GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT 720
 CCTAAATGAC TATTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTG 780
 TCGACTAATT CTATAA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT 60
 TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTC CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA 120
 TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAACTTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG 180

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTTAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTLAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTMTTGATA	600
	TTTTAGGTAA TAAGCGTGTT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTGGTTTGT GTGTAGTCAC AATTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTAAATTTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCAATTCAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTTCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTGTGATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAATTCA ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 30 TCACCTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTGTTAAT CCGCTTAAAA CACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGCTAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1123 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:

CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCCTTTT GATTTCAGAT 120
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTTAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTT 300
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360
 10 ACTTGTTGCT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTC TATTCTTGGA ACACCTGTTT 600
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660
 TAATTCATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGCAAT 720
 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTCGCG 840
 25 ATGTGCTTCG ATTCCTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTCTCTG 960
 TGTTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 838 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCCTCC AnACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180
 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240
 50 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

	CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTGTTTAAAC TTCTTTTTTA	660
10	TTTTTTGGAA AATAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT	838

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	nGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
30	TAAC TTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAT TATTAAAAAT ATA ACTATCG	180
	CTTG TACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT	540
	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
45	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
50	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTA	840
55	ATTGATTTCA AGTCATCTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTaCA 1140
 GGTATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 797 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
 25 ATGATGGCAT TGAAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAAATTAG 360
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480
 35 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATAACTTTY ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780
 TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG 60
 ATGATTTTCGk CACAAATCGA TCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGTATTTTC 120
 5 ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT 180
 AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT 240
 CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTIACCTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG 300
 10 CTTAATAAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG 360
 CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA 420
 CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT 480
 15 TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT 540
 GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA 600
 20 GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTITCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG 660
 TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT 720
 CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT 780
 25 CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTG 840
 ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA 900
 TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT 960
 30 AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT 1020
 GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA 1080
 35 GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG 1140
 TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACCTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG 1200
 TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT 1260
 40 AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT 1320
 AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT 1380
 GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT 1440
 45 AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC 1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGCATAATT CGaTgTAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
30	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTC AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTGTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
45	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
	GATATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAT GACTACTCAG	1620
55	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAAATCAA	1680

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
TTAACTTTAT CATTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220
15 AATGGGktCA CTGTGAWTGG TGktGTGAWT GTCyTACTTC CTGGktGTCC TTCTTGTTC 2280
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
AATGAGGAGT TTAATTCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTGTCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTctGAcGT AAAAAACAA 600
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGAATATGG 720
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

EP 0 786 519 A2

	TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT TGAAAGATTG TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC TGGTGTTTCT ACTTTTtagG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAAGTCTT CTATCATTTA TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTATC TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAAAATTT	1500
	TGATAAACAT CATTAATTTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaa TATAAATGAC TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG GTGCAAAGAT TGAATATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA	1740
	CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCTCG GTGTAAGTAA TTAACTACT	1860
	GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAAAATA	1980
	TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA	2040
	TGCAATTCGA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAAAAATG CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA	2520
55	ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA	2580

EP 0 786 519 A2

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAGATA AATGTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAATAAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTT AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTCACT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCATAAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGGAAGATAA AGTAAGTTCCG 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 10 AGTCATTCTT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAACAGCA AATTTAACTT 240
 30 TTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAAATAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTGt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960
 TTGGTTTGTTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAAT AAGATAAACC 1200
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 1072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATT 60
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120
 TTTAAATGTA AAAGGCATTc CTCATTtATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTC AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCtTTTA AAGATTTAAA 780
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900
 45 CTTGGTGCAG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960
 ACaGCcTTCG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAT TTAAGgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 55 (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAC TCTTTAGCTG TTAATTTGT AAACTTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTTCAATT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTTAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740
 5 GCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100
 TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT 2220
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA 2460
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAAGTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GCGGCCTGTA 2580
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700
 35 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCTCT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760
 GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880
 40 TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCATT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAAGTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180
 50 ATATktCTTT TTAATTTCCCT GTAtAAAAAtC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240
 WTGaCGwATg CtTAaWACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

55

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAAAGAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAGAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTTAA AGGTTTAGTA	540
25	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
	TTCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
	GGGGTGGcAA rGAAGAAAA TATTATTArG ATTCAATTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
45	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
50	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
	AAATCTGATG TCATGCACGG TGACTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
5	AAACAGTTGG CATTAAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
10	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTTA	180
15	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
20	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAACTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
25	GCTTGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAA GATTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTAA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
35	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTG	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
40	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAGTAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTAA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTAAAGACA CATGTGAGTA	1380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60
 TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAA 300
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATTC stCrAccCAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480
 TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600
 GTCCAGTG 608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAT TCTCCCAAgA TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60
 AATGATTTCT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

	ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT	480
	ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT	540
5	GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA	600
	TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT	660
10	ACAACACTTC CAGCACAAAA AA	682

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2574 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

	ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC	60
	ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA	120
25	AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTGT	180
	TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTGCCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC	240
	CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG	300
30	CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT	360
	GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT	420
35	GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC	480
	AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT	540
	ATCGATATCT ATTTTTGTAG ACGGCACTTT AAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG	600
40	TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG	660
	ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG	720
	TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA	780
45	AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA	840
	TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT	900
	TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT	960
50	GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT	1020
	TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC	1080

	AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAAACAA	1200
	GTTCATAACG TGTTCACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA	1260
5	TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTGTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC	1320
	ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC	1380
	TTTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC	1440
10	ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC	1500
	TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTC ATTACATCAC CCTCTTTATT	1560
15	TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT	1620
	CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTTGC	1680
	ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA	1740
20	AATTAATTGT ATTAAGTTCG ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC	1800
	TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT	1860
	TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA	1920
25	TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTGCA CTCTATGAT ACCTTCTAAA	1980
	CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTCTTTTTTC TAAATCAACA	2040
	ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA	2100
30	CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTCGCCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA	2160
	ATGCTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT	2220
	TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AACTGATTA	2280
35	TTTAAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG	2340
	TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT	2400
40	CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG	2460
	GCTTTATCAC CATGATTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT	2520
	TTCCATGGCA AGTTTTcAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT	2574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3326 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTTGAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTTAGCT ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
	ATGTTCCACG ATGGAAAATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
15	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATGTATTTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAAC TTATAT AAATTCTTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT AACAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA AGTTTAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTG GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGTG ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCACTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAGAA TTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA TATTAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAAATA AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740

55

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTCGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TGC GTTGAGT AA ACTGATTA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGaa ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAAC TTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
35	AAATGAAAAT ATTA AAAAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC	2940
	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTCTTAA TGATT TAAAA GCAGTGTCAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYATwTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGT TTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5301 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAATCATG CTCTTTCAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT cAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTc ACAAATACGA	660
25	CATTCTGTTTc AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGGACTAC ATTcATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCCAA ACTGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTTc GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTA TTATGCTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGATCAG CAATGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTGGTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCTGTTA	AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCTT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAACCTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
15	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGGTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTAAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCAITTTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
50	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTTTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG ATTTAAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTTGTAAAT TAGTTGATTG ACGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAATTCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA AAAGGGAAAC AAATGTTATC TTAAAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAA	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGT CTGGTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTTCGTATC GGTTCTTGTG GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGAAAAA AAATGGGTAT	4620
35	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTTAAAT GCGATTCATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCATTTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCATTTA TGTGTTGGCT TTATTTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTC AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
	TTCTCTCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATACACCTG AATCTAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AACTATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAaAATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

	CCCAAGCTGC	GTATGATATC	GCAACTTGGG	ATTTTCTGTA	TTATCTACTT	TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC	TACTGCATAT	TGATTACCGA	TGCCACCAGA	CATACGTTGG	AAGTGTACGT	1500
5	GAGGCGCTGT	TGAATTACCC	GTACTACCTG	AATATGCAAT	TTGGTCACCA	GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC	TGAAACAGTT	AAACGATTAT	TATGCATATA	CCATTGGTAG	TTATTACTGT	1620
	TCGCTTCTTT	AATCGTTACT	TGATTGCCGC	CACCATAGTT	ACTCCAACCT	GCTTGTAATA	1680
10	CTGTACCATC	AGTTAATGAG	TAAACTGGTG	AATTTTCAGG	CATTGCATAG	TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC	ACCACCGTGA	TATTGTCCAT	ATGGTTGTAG	TTGTTTACGA	CTTGTTAACC	1800
15	AGCTTGCGTC	TTTCGCATGA	CCACTAGCTG	TCGCTTACT	TGCTGATCCA	CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC	ATTAGGATAA	TGACCTTTC	CATTACCATC	ATGGCTGTTA	TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTTACT	ATGTGAATAA	TAGCTCGCGT	CTGGACCTAC	ATTTGATTGA	TAACCATATT	1980
20	GATTAATATG	CTGTTGGCTT	TGACTCGCTG	TGTAGTCATT	GTTATCTCCT	GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA	TGTTTGGCCG	CTTCCATTGG	CATTTGCATT	TTTTGGATAA	CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT	ATGTCCTTGA	GCATCTACGA	ATGTATAGCT	ATATTCTTTA	TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT	CCAGTTACCA	TCAGGTGTGT	GATGATAATC	CCCATTAGAA	TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC	ATAAGATACG	TCTTGTGATT	GTGTTGACAT	TTGTGTATGT	GCTTGTGGG	2280
	TGTTTGTGCT	TTCTGCTGCA	TCTGCTTGAT	GCGCCATTGT	AAATGTAGCG	AASCCATCGT	2340
30	TGCAATCGCT	GCTGCTGTTA	ATTTTTTCAT	GTATAAAACA	TCCTCCATTA	AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA	TTAAACTGTA	CTGCACATAC	TAAAGAATT	AGACAACTGA	GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT	TTTCCAATA	TTTAATATTC	CCGAAATGTT	TTACTAAACT	CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA	ATAGCCATAC	ATTGATATTA	AAATGACATC	TCTCACTGCA	TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA	TTTTCAAAAT	TAACAACTAA	TCGTTTCGTCC	ATGTTTCGCGA	TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA	GTAATCATCC	ATCAAATCAT	ATCAACCAAA	TTCCATTATC	AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT	CAACTTCTA	ATAGTGATAT	GCTTCTCAGG	CTTAAAAATC	GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT	TAAATCATCT	GTGAGCTTTA	ATGCTACTAA	TTCAATTGCTG	CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA	CGTTCTTGTA	GTAAATTTA	TTACGGTCTG	ATACATCGTA	TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG	CGGACGTACA	ATTCCAATCG	GTATATTAC	CGCATCTAAT	AAATAAAATG	2940
	CATTCAATAA	ATCCATTCT	TTATCATTGT	TTTGAGCAAT	GTTTGCTTTC	ATAAATGCCA	3000
50	TTCTCACAAA	GCGCTCAGTT	GAAGTAAATC	CACCTGGCAA	TCCAAATGTA	CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG	TTCAATCGTT	ACACCTTCCA	ATAAATTGTC	TGTTGCTGGA	TAAGGAGAAA	3120

CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT 3240
 GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT 3300
 5 ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTCAT ATCTTCAATG CTGTGTGTAT 3360
 ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG 3420
 TTGATCCATA TGAATAATA CCTCGGAAAT ATTGTGTGA AATGGCAACG CcATGTTcAT 3480
 10 TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT 3540
 GCGTTTGGCC TGTGCTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCACTGCTG 3600
 15 GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA 3660
 AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT 3720
 AATCACTTTC AAATAAAGCT GTTTCACCTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC 3780
 20 AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT 3840
 GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA 3900
 TTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT 3960
 25 ATTGCGATTA TGTGTCTGTC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA 4020
 GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT 4080
 TTAACCTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA 4140
 30 GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTCGATC TCTTCTATTA 4200
 ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA 4260
 35 GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA 4320
 AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGTT 4380
 ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCCGA TGGCAAACGA ATTCATCAT TAGTATAGTC 4440
 40 ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC 4500
 CACCGTCATC CATTCGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT 4560
 ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTTGA GTACATTTTC AATCATTTGT 4620
 45 CTGAGCATT TTATCaTCaC TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA 4680
 CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCAAT TTAAATAAAC 4740
 TTTGTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC 4800
 50 CTTGGTTTAT CAGcTGCGCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT 4860
 GCGATGATTG GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC 4920

55

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTGCGAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTGCT ATCAGGTATC GTTTCACAA	5640
	TTTCATTAAc ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTT TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACCTAAC AAACGACCAT ATTCGAACCTC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAGACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

	TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
15	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAAACGA TGAACCTCGT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT AATAGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCTG TGCAACAACCT GGCTATCATC TTTCAAACCTA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTITTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTAA	7860
35	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
	ACGATGGCAC TGGTAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCAITTA CTTATCGGGT TAGGCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTGCGCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTTG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACCT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAAT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTCT CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTAAT TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATCAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
55	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740
 ACAAGCGAAT GCTGTTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800
 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860
 15 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAAGA 11220
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400
 TTTTTTCTn AAAATTTTAA CmTcMCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAWT TcGCrmAAaT 11460
 35 TAWTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60
 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120
 50 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

55

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAAGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTA AAAGATTCAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGAA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAAC	1680
	TCATATTTTC ACAAATATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
50	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTCTATG	1980
	ATTAAAAATA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTtTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTtGGTA AAGGnt 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGTA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660
 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCTG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA 1500
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1799 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60
 TATTGACGCT TTATTTTAAa AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATT 540
 35 AGGTCATTTC CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTCGAAG ATGTAGCTCA 720
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA 780
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140

EP 0 786 519 A2

	TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT	1260
	TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG	1320
5	GCACACATAC AATCGATAAA TTAAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA	1380
	TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG	1440
	GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG	1500
10	ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT	1560
	TTTCAAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG	1620
	CACTTTCAAA TAGCGCAGGT ACATTGTTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT	1680
15	TACAAGATAA GCATTACCCCT CACCTACGAT TCGGATTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG	1740
	AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG	1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1341 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30	ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC	60
	GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC	120
	AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA	180
35	TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA	240
	TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA	300
40	CCACGTAGTA AGTTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCATAAA TTCTAAGCCT	360
	TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA	420
	ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA	480
45	AATACATCTA AAGCCATTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA	540
	CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC	600
	AATACTTGTT CAGCAGTTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA	660
50	ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT	720
	CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA	780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTAC GGAAAGCACG AATACCCATC AAGTTaGCTG 1020
 GGTTGTGaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTC CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTACTAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1529 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60
 30 AGTTGCAAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300
 TATGACGACG GAgTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA 420
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540
 45 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600
 ACATTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720
 50 TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTtag GAATGATTAC 780
 TGCACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

	TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA	960
	AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT	1020
5	TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT	1080
	GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA	1140
	TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTIATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT	1200
10	TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTIATGGC TTACTIONAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT	1260
	TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT	1320
	AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA	1380
15	TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT	1440
	TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA	1500
20	ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG	1529

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

	TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT	60
	ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC	120
35	GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT	180
	AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT	240
	CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAACTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC	300
40	CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA	360
	GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA	420
45	CAAAGTTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG	480
	TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATACT TTTGAAACTT	540
	GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC	600
50	CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA	660
	CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA	720

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AAACGTAAAC CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTtagTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTCATTTT AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTC TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACTATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTC CThACTA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 616 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTa ATGTTTGTTA TTGTAAGTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGktGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TTCGAATCTA TTCTTTTATT	300

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAAGa TTGCACaATA GAAATGaTGT 600
 TCACTGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACTTAC CTTTTGACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGCGG TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAAAC GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTGC CTATCTTACC GATTTTAAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTACACAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840
 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

TCTCCAGTAG	ACCTTGTGTA	TGAACAGTTT	CTTTCATATG	AATGAACATC	GTTTTTAAAG	60
TTTGTTTCAA	CTCAGCCTTA	TCAGGATAAT	ATCTAGAGAC	AGTCGTCTCT	GGCATCTCCA	120
TTGTATGATA	TTTAACCTTA	TGCAGCGACC	CATGATTTTC	GTTATAAACA	AATGTATGAT	180
TCACTTCATC	GAAATCATGA	TCTTCTCCTG	CAATCCAAAA	AACTGGTACT	ACTTGTGCT	240
TATGTGTATC	CGTTAATTCC	TTAGATAAAG	TAATGATTGa	AAATATTTTA	TGGAATGTAT	300
ACAATGGTCC	CCCGAAAAGC	CCTGCTTGTT	GTCCACCAAT	CACAACTTT	GAACCATTAG	360
CTAAATGTTG	TATGTTTAAT	TCTTGTTTAC	TTGAAAGCTT	GAAAGCTTTA	AATCACTCAT	420
ATATTCACGA	ATAACATTCT	CTAATGCCGC	TTCTCTTCCA	TTATTTTCTT	TAGACATCCT	480
TTTTTCAAAA	CTAGTTTGTG	GAGCTGCATC	ATATTGAAAT	AATCCTGTTA	TTACAGGGTC	540
ACTGCTCTTT	ATTTTTGGTA	TAAACTGATC	TTTTTCATTT	AAACTAATA	CTTTACAGTC	600
CATGTTTTTT	CTCCTTAAGT	ACGCGATTAC	AACTATAGT	ATAAAGTCTA	TACCGGTGAT	660
TGACAATTTT	ACGGCTTGAA	AATCAATTTA	ATCATGGAAA	ATTTATAATA	TTCATTGTTT	720
TACATTTTCA	AATCAATGAA	AAACACAAGT	GGTTTAATGT	ATAATAATAG	TAGTAAACAA	780
ATAAGGGGTA	GATAAATATG	AGTGAAATCA	AACGTCTTGA	AATTAATTAC	AAAACAGGAC	840
AATTATTGCA	AAACTTTAGA	GCGTTTGGCA	ACAAAGACTT	ATACATGGTC	AATGAGTTAA	900
ACGGTCAAAT	GATTGATGCA	AGTTCAGATT	CACCATTTTA	TGGCATATTT	GTCGaGATCA	960
ATTAGGAGCT	AGAATGGCAT	TACTAAAAAA	AGGTGATGTC	GAAGAAATCT	ACTTCCCAGA	1020
TTTTGAAGAT	TATATATTAT	TATGGAAGTT	AGAAGTATTA	CCAAAATATC	AAAACAGAGG	1080
GTACGCTTCA	GAATTGATTG	ATTTTGCAAA	GAGTTTCAAT	ATGCCAATTA	AAGCCATTGG	1140
CAGAAATGAT	TCTAAGGATT	TCTTTTTTACA	TCATGGATTT	ACAGATGTGG	AAGCTAAAAA	1200
TATAGAGGGA	CATGATGTCT	TATTGTGGAA	ACCATAAGAT	AATAATATTC	GACACTACGA	1260
GCATGAAAAT	GCATCTTTTC	GTAGTGTCTT	TTTTACAATT	ACTTTCTTAA	GCTAATATAA	1320
GTaAATCATT	TTCAAAATTAT	TTGTCTTAAC	GTACAATATC	ATTTAGTTGT	TTCCATGrAT	1380
TAATTTTATA	ATCAGGTATA	ATTCCTGGAT	TATGATCAAA	TCCTCTAAAA	TTAAACCAGC	1440
AAGTAGCTAT	ACCCGCATTG	ATTCCACCTA	GAATGTCAGA	TGTTAnAGAA	TCTCCaACTA	1500
TAATCGAGTG	CTGtCTTTCA	TCCTCACCAA	TATCATTAAA	AACATAATTA	AAAAATTCCG	1560

	ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGCG TTTCGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT TTTCGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA AGCTTCCCAA TGTTGGTGaT TGaTTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTCT TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA	2040
15	TCTCCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTCTG CAAATAAAAT	2100
	AAACTGAGTG CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCACACCC GTTAGCAACG ATGTCTACGA	2220
20	TACTTGTGCC TAATTTCAACA CTATCATGTT GTTGTGCACG TTGCACAGTA TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATT TTAATTGCTG CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAATTT TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA ACGTGCGTAg YTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTGTGTT	2580
30	GTTGTTATTT TAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGT TT ATCCGCACAA CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAAA ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA GTTGCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATG AACCTTTTTA GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTGTTAAA CGTGTCTTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTTG TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA	3060
45	ATTAAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT ATACATTTTT AATTAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTCATC TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTGTCAT GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTC AAAATTTTAG GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCGAA ATCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG	3360

55

5 ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540
 10 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCACA TATTCCAATA 3660
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT 3780
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAAATCAT 3840
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGGAATCT TTGCTTTCTT 3960
 GATTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTCAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080
 25 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200
 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTTA TTGGTATTGn 4260
 30 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380
 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCAGACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCTTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500
 35 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560
 ACCTTTTTCG CCCGTAATTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGKTCC AGACATTtGG AAAGGKCTTT TGTTTATCGA 4680
 40 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740
 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG	60
	TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACTTTGT CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA GTTAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGATTTC AAACGTTTAG GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTT	420
15	GGCATCTACC TTTTGTMTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC	480
	TTGCAATCA GGTGTAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTAGTGT TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAACTT CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTT TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGa GATGATACCA TTTCTTTTTG ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG	780
25	TTCAATTCTT TAFTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTCCCCAG ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC CTAATAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAAATTA	900
	TTTAATCGAT TGGATAACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTATTTTC TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTTAGAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA	1080
35	TCGTAAAACG TTATTAAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT	1140
	TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG	1740

55

TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG 1860
 TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG 1920
 5 TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG 1980
 TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG 2040
 TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG 2100
 10 TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA 2160
 TCTGATGTTT CTTCCTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT 2220
 GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT 2280
 15 TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA 2340
 AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTACCAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT 2400
 20 TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA 2460
 TTACTGTCTG ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA 2520
 TCTAATGTCA TGTGTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT 2580
 25 ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGTCAGTT GTCGGTGTAT AACC GGCTGG TGTGAAAAC 2640
 TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAACGTAT ATTTACCATT TTCATCTGTT 2700
 GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC 2760
 30 CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT 2820
 AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTACATT TGAATAACTA 2880
 TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTGAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT 2940
 35 GTTGAACAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT 3000
 TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT 3060
 40 TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT 3120
 TGATCTGTC CACTCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTG GATTAAATTT ATATCCAGTT 3180
 AAATTAGTAA CAAACGTTT TTTAGTATAT GTATTTTGTAG GTTGATTTAC ATATGCAGTC 3240
 45 ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGTTGTGCT 3300
 TTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT 3360
 TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTAC GTTTCGCAA TGCAACTGT 3420
 50 TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT 3480
 GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA 3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACATCA 4020
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTGCTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTCTTAT CGAAAAATTG 4260
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCAATTAA 4320
 TAATACTCCT TTAATAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

35 TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGCATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AAATAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTTGAAGA 420
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCatTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAC GGAATTCAAC GTATAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGcGT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGACGCT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

	TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT	1080
	TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT	1140
5	TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT	1200
	CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAATTGGT CCCATTGCG GTTCnGGTTA	1260
	CA	1262

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1142 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

	CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC	60
	TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT	120
25	CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTGTGCGGA TGATTTTGT	180
	TTCAATTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG	240
	CATCTACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTAC CGCCATATTT	300
30	AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT	360
	TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA	420
	AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT	480
35	CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAGG	540
	TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT	600
40	TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC	660
	ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA	720
	ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG	780
45	AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT	840
	TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC	900
	GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT	960
50	TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT	1020
	TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTATTGCAA	1080

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
15	TTCATTGCCT CGCCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
	GTAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAAG ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTT TCTTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTTCAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACCTCTAA TACATCTTTG	840
	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
40	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCCTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAT TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTTAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTG TGCATATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAAGTCATC 1740
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 686 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 20 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTnAGATT ATTACCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGGTATT TGAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTT TAATACCAAC 660
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1300 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600
 AGAAGAGTTC GGTTcAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA 660
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAACt TGTTGATTAT TCTAAAGCCC 780
 ACAATGAACC TTCTTGgATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAAACTT 840
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCa ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTAAGTGAAGA 1300

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
15	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTGAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

	AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC	1860
	AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG	1920
5	CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG	1980
	AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA	2040
	TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA	2100
10	TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG	2160
	GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT	2220
	TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCTGAAT	2280
15	GTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA	2340
	GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG	2400
20	GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACCTTTATT	2460
	TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC	2520
	GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA	2580
25	GGAGCTATAT ATATCGCAA TTTTTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA	2640
	CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT	2700
	TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtTGCACA TATCGACATA	2760
30	CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA	2820
	CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT	2880
	ACAAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA	2940
35	GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA	3000
	ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA	3060
40	ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA	3120
	TCATGCCATT CTGAA	3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1209 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

EP 0 786 519 A2

	AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTTCATGG	120
	TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT	180
5	TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT	240
	AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG	300
	AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG	360
10	AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA	420
	TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC	480
	TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG	540
15	AATTAGCAGC TGACTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC	600
	CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG	660
	GTCAACCACT TGATAAAGTT GTTGGTTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTGTAG	720
20	ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA	780
	GTTTTTGT TTGT TTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGT TTTACGAC	840
25	TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG	900
	ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC	960
	ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT	1020
30	AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGT GAAGACTATA AGCAACGAAT	1080
	TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA	1140
	TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT	1200
35	TCACGGGTG	1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2410 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

	AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC	60
50	TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT	120
	AACGTATCAT CACCCGCACT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTCCCT	180

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT TCTGGCTCTT TATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCACCTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
15	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AAITCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTGGC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAACTAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTc CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCGTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTGCAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTGGTAAG TGAATGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTT AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTAAT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTC TTTATTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAAATAT TTCATGCAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATTtAaTG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTGA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420
 ATCTCATTTC TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTCTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTTCGATTT GANTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCAATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTGTT 240
 TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCCTTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACCTTC TAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAAGTGT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTC CAACAATTGT GTTGcATAAG TAACCTCTTG 720
 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 AAGATTTGat AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGtAATA TTTTTCGat TTAcLAATG GTATGCLTGT 960
 tATATTTAWT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TAAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACT TTGCTTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAATAT ATCATTCCACA AGTACACCAT 180
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TAAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCTCGTAAT kGATTAAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACTT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

AGGTACAGCG TTAAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG 240
 TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AAAGTGAAGG GCTTTTCATC 300
 5 AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT 360
 TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAAGC GAAGTCATTT 420
 AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG 480
 10 TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA 540
 ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA 600
 CTGCACATAG CTTTAAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA 660
 15 ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT 720
 AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA 780
 20 TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT 840
 GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT 900
 aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc 960
 25 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA 1020
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTT CGTTCAAgAG 1080
 AAGCAGCTGT TCGCAgTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT 1140
 30 AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AAAGTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT 1200
 TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGGGA TCGGGAACGG TATATATATT 1260
 AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA 1320
 35 TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA 1378

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA 60
 50 TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG 120
 AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATCTTC TTACAATTTA CATTTTAAAA 180

	TTATATTCTA TTCAATTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTAAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAACA AATGGTGATG ACAAATGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTGTA ATTTAATGT TTTCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATCTTGTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTa CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

GCTTgACTCA AAACttCCAC AGTTGGAAAT CGTTCAACAA AACGATGATA ATAGTCAATA 2100
 ACTGTTTTAA CTGTGTCTG TTGTAACATG ACCTCACTTA ACCAAATATA GTACGGATTG 2160
 5 GTCGTTTGTC GCCATGGCAT TTCTCTTTGA TTTTCATCAA ACCAGTGTAT CAAATTTTCT 2220
 TTAAAACTAG ACTGCTGATA CATTTATAAA ACCCTTTCCT CACCAAAATT AATTGTCTTT 2280
 ACTCATAATG TTTTATTGT ACATTAAAAT CATGGTTAGT ATGTAAGTTA ATTTAGTTAT 2340
 10 TTGCGAAATT GGATTATAAT AGTATATATA ATATTATGAA ATGAGTGAAC TGATATGGAC 2400
 ACTGCAACAC ATATCGCAAT TGGGGTGGGC CTTACAGCAC TTGCAACTCA AGATCCAGCA 2460
 ATGGCTTCTA CGTTTGGTGC AACAGCTACA ACCCTTATCG TTGGTTCATT AATTCCTGAT 2520
 15 GGGGATACTG TTCTTAAATT AAAGGACAAT GCAACATATA TTTCGCATCA TAGAGGTATC 2580
 ACGCATTCCA TCCCTTTCAC AATACTATGG CCAATTTTAA TTACATTTT AATATTCACG 2640
 TTCTTTAGTG GAACCAACCC ATTTTCATGTA TGGATGTGGG CTCAGCTCGC AGTATTTTAA 2700
 CATGTCTTTG TAGATATATT CAATTCTTAT GGTACACAAG CGCTTAGACC TATCACAAC 2760
 AAATGGATTG AATTAAGTGT GATTAACACA TTTGACCCTA TTATTTTCAC AGTTCTTTGT 2820
 20 ATTGGTATTG TATTATGGGT TATAGGCTTG CATCCATTG CAGTCTTCTT TCCTATAATC 2880
 GCTTTACTAA TCATTTATTA CATGATTGCT TTTAAAATGA GAGCCGTAAT TAAGCAACAA 2940
 GCTTTAAAAG CAATTCAACA AGAGCATCAC CCTGTAAAG TATTTGTGTC GCCAACATA 3000
 30 AAATTTATGG AATGGCGTGT CGCGATACAA ACTGATGCAC ATGACTATGT TGGAAAAGCA 3060
 TATGGTAGGA ATGTGGTGT TAGTGATAAA GTGGAACGTC AAACATTATC AACAGACTCC 3120
 ATTTTATGGA AAGTCAAAGG TAATAAAGAT ATACGTACTT TTTTAACTT TTCATCAATC 3180
 35 TATCGTTGGC AAACAACAAC GTTAGCAGAT GGTTCTACTG AAATTCGTTT GATTGATTG 3240
 CGTTATTTAA AAAATGATCA TTATTCATTT GTGGCAATTG CACATGTAAC AAACGATAAT 3300
 GTCATAGACC ACTCTTATAT TGGCTGGGTA TTTACAGAAG ATAAGTTACA ACGTAACTG 3360
 40 TATGCTAAAT AATTTCAAGT TATTATTCAC TAAAGTTAAT CTATAAAAAA TGAACAACCG 3420
 GGCAGAATGA AAATCAAAC GATTTTACT CTGTCCGTT TTTAATGTA AAACATGAA 3480
 TGCTTTTACA AAATCTAAAA TTTATATTGT TGCTAACAAA CTACCTTTAA TGACTCGAAA 3540
 45 TATCAAAATC AGTATAGGAA AACAATATCT AGATGATATT CTAATTGTTT CTGATTCTCA 3600
 CAGATTAATT TACACAACAG GTCAGCTAAA CATCATGAAG AAGTATCCGC CTCGTCTGTA 3660
 50 CTATCATTG AAACATCCTG TTGATTATCa GTTTGTGTCA CTTTAGATGT TTTATTaTAA 3720
 ATTGCGTGTG TCGTATACCT TGCTAATACG AAATTTACTG CAGCTATTAA ACATAAGAAT 3780

TGTGCTATAC CATTAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT 3900
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGwT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATaG GGGCTTTCAA 60
 25 AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACCTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300
 ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTCAAGT ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 45 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTTGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTTGTTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAAGAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAAATCAA	1560
	TATAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACATAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCGtACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTGTG TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAATA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaaGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CagcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCCG TTTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTTAATT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACTTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAAGTTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAACTCGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTCAGA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

55

	GTGCGTGGTC	TAACCTTAGA	GAAGACCAAA	AGAAGAAAAG	TGATAAATAC	GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC	AGCTCGTAGA	AACAGAGAAA	ATATAAAGAA	ATGGTTTGGA	AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA	AACTAAAAC	GGTGAAGCCT	TTAGTAAAT	GGGCAGAAAT	GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA	AATGAAAAAA	ATGTGGAGTG	GAATCAAAGG	AATTCCAAGC	AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG	CTCAGCCAAA	AGTTCTGTAG	GATATCACAC	TAAGGCTATA	GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG	GTTTGGAAAA	GCTTGGCAAT	CTGTAAATC	GACTACAGGA	AGTATTTACA	5040
	ATCAAATAA	GCAAAAGTAT	TCAGATGCCT	CAGATAAAGC	TTGGGCGCAT	TCAAAATCTA	5100
15	TTTGGAGAGG	CACATCAAAA	TGGTTTAGCA	ACGCATATAA	AAGTGCAAAG	GGTGGCTAA	5160
	TAGATATGGC	TAATAAATCG	CGCTCGAAAT	GGGATAATAT	TTCTAGTACA	GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC	CGTTTGGAAA	GGAACATCGA	AATGGTTTAG	TAACTCATAC	AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC	TGGGGATATG	TATTCAAGAG	CCCACGATCG	TTTTGATGCA	ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC	TAACGCTAAA	TCAGTATTTA	ATGGTTTTAG	AAAATGGCTA	TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT	TAGAGATATT	GGTAAAGACA	TGGGAAGAGC	TGCGGCTGAT	TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA	TAAAGCTATT	GGCGGTTTGA	ATAGCATGAT	TGGCGGTATT	AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT	TACTGATAAA	AATCTCATCA	AGCCAATACC	TACATTGTCT	ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA	GGGTGTAGCT	ACCGATAATT	CAGGAGCATT	AACGCAACCG	ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA	TAGAGGTTCT	GGAAACGCCC	CAGGTGGTGG	AGTTCAAGAA	ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG	AACATTCCAT	GCACCCCAAG	GACGAGATGT	GGTTGTTCCA	CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT	AATAAATGCC	AATGACACTC	TGAAGTTACA	GCGGATGGGT	GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG	TGGTACGAAA	AAGAAAAAAT	GGATGGAACA	AGTTACTGAA	AATCTTGGTA	5880
	AAAAAGCAGG	GGACTTCGGT	TCTAAAGCTA	AAAACACAGC	TCATAATATC	AAAAAAGGTG	5940
	CAGAAGAAAT	GGTTGAAGCG	GCAGGCGATA	AAATCAAAGA	TGGTGCATCT	TGGTTAGGCG	6000
40	ATAAAATCGG	CGATGTGTGG	GATTATGTAC	AACATCCAGG	GAAACTAGTA	AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT	AAATATTAAT	TTTGGAGGCG	GAATAACGCT	ACAGTAAAAA	TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA	TTGCTCAAAA	AGAAATTAGT	AGACAAAGTA	AAATCGTGGT	TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA	GGCGATGGAA	GCTATCTATT	TGACCATCCA	ATTTGGCAAA	GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT	GGACTTAACT	TTAATGGCGG	TCGTCACTAT	GGTATCGACT	TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG	AACATTTATG	CTGTAAAGG	CGGTATAGCT	GATAAAGTAT	GGACTGATTA	6360
	CGGTGGCGGT	AATTCATATC	AAATTAAGAC	CGGTGCTAAC	GAATGGAAC	GGTATATGCA	6420

55

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
15	AGCGTTCTTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTCAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTCA TTAGTATTAA GGTGTTGCTA TGATGGTATA	7560
	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
35	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTAAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTaAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340
 GTTTTGT TTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520
 GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTATAGTA GTACTTAAGA TATGGATTG 8580
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700
 TGT TTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT 8760
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820
 CTGTCAGTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880
 20 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940
 TAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060
 25 ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGT TTTTGCT AAGTCGGTTC 9120
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240
 30 CTTGTATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420
 35 TTGCAAAAAA GCAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540
 40 CTGAATTAAA GGT TGT TTAAT CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600
 TGTCTTTT CAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5	TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTAAACCATC GGTTTCAATC CTACGTGCTT	60
	CACCTTCTAT CtATTAAATC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT	120
	GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA	180
10	TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT	240
	TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA	300
	GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC	360
15	CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA	420
	AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC	480
	CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC	540
20	GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT	600
	TAAATGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC	660
	TTTAAATAA TAAATATTTT GTTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC	720
25	TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT	780
	AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT	840
30	ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA	900
	AGGCATACCT TCATTAACCTT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTG	960
	ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaa TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC	1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45	TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTCA	60
	GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TAAAAATTTT ATATGCTGTG	120
50	TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA	180
	TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT	240

EP 0 786 519 A2

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAAC TGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTGT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
15	AAC TCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
	AAC TTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
20	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTGTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCCTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
40	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC	TAAAACCATA	CCAATGTAAA	TGATAGCCAT	AATCGGTACA	ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC	AATACTAGCT	ACACCACCAA	ATATAATAAT	AGCTGTTACG	ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT	GATTACTGGA	CTAATATTAT	ATTGCGTATT	TAACGACTCC	GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC	TGTGTTAAAT	ACAAATGCAA	ATGTAATTGT	AATTAAAAATC	GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA	TTTTTGATTT	AAACCTTTAG	TAATATAGTA	AGCTGGACCA	CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT	ATCATGTACT	TTATAAACCT	GAGCCAAAGT	CGCTTCTATA	AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT	AAATGCAATA	ACCCACATCC	AAAATACTGC	ACCTGGACCG	CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC	AACACCAGCA	ATATTACCAG	TACCAACTCT	CGAACCAGCA	CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA	TGGCGAAATA	CCCTTCTTAC	CATCTTCTAA	AGTTTCTGGA	CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA	CATTTCAGGT	AACATTCGTA	ATTGAACGAA	TTTAGAACTA	ATCGTAAAGA	2700
20	AGAATCCAGC	TGTCAATAAT	AGACCAATTA	AATATTGAGA	CCATATTAAA	TCGGTACCAA	2760
	CATGGACAAA	TTCTTTAAAC	CATCCAGGTA	TTAAACTATC	GAAATCTTTC	AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC	TCTACATGAA	TCATGTACCT	TCTATAAAAT	TAGACCGAAT	TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG	AGATACATCA	TCATTTCTTA	TACAATACAA	GAGATTTATA	TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT	CGCTAATTTA	ACGATAAGTA	CTTGGTCAGC	ATTTAATATA	AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA	AATTTAACAT	TACTGTATTT	TATCATTTAA	TTTCGTGATT	GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT	ATACATGTCT	ATTACTTCAC	CAAAATCATC	TGTATCTACA	ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA	TTGTTTCAGAT	TTATGAATAT	CATTAAATTAA	ACCATGTTCT	TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA	TGTATATTGA	CTATGTTTAC	CTGTCACTAC	ATGTGCAGCT	ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT	CTTTAATTCT	TTTAATAAAG	TTATTCCaCG	TTGTGCTCTT	TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT	AAACTAATA	CGTTTTAACG	AGCCGCGTTG	TGTGGCCATC	AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA	AACACCTTCT	GTCATAACAA	CGAAATCTTC	AGCTTTAAGA	TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC	TGCCCTTAAT	CCGGTATCTG	ATAGTTCACT	TGTATTATAC	GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT	AGTAATGACG	GTAATTAATT	GATCTTTTTC	AAAGCGCATA	ACACTAATCA	3540
45	AATCATCATT	TTCTTTAACT	TTAGTAGCAA	TTAAAGGTTT	ATTAAAACGC	GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC	TGTACTTTTC	TTAATCATGC	CATTTTGAGT	CGCAAAAACA	TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA	GTCCTTTTCA	TTAAAGACAT	TAATAACCAC	TTCATCTTCT	TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA	TACATGTTGT	CCCAATTCTT	TCCAACGAAT	ATCTGCTAAT	TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG	ATAACGACCT	TTATTTGTAA	ATACTAGTAC	GGTATCTTGC	GTATTTACTT	3840

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTY	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTT TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTCTTTTT TAATTTCATT CAATTCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTTGA TTGAATTCAT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTC AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTGCGG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACTCTTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTTCA	5460
	TCACTAGATT TCCTCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTACTT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTATCTTC	5640

55

5 AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT 5760
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820
 10 ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATT TAAAGTCAGT 6000
 15 ACCAACGCCT GCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTT TAAAAATATC 6060
 TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180
 20 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTAAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTTCTTC 6360
 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACCTCTAG CTTCAGAAGT 6420
 ACCCAATTTA GATTTCTGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480
 25 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540
 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAACC 6600
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC 6660
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAACCTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT 6780
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1716 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

45 GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

	CCCTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA	360
	TTTTTAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT	420
5	TGTTTACTCA TTTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA	480
	GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTCTCTGC ATCGTCTTTC	540
	ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT	600
10	AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA	660
	ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT	720
	TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT	780
15	TTGTAAGCTT CTAAGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTC ATCTGTTAAT	840
	TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG	900
20	GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA	960
	ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTTCT	1020
	AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG	1080
25	TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT	1140
	AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACCTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT	1200
	TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAAGT	1260
30	GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT	1320
	GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG	1380
	TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC	1440
35	ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA	1500
	TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT	1560
	TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT	1620
40	TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT	1680
	TATATATTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAACCTA	1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 795 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCG 60
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAAC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTTCGA 240
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAACGTTTGA 300
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAGC 480
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540
 TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTACCTT TAACTGATAG 600
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780
 25 TATCTATGGT TTACC 795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 887 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATGr GAAATATTAT 120
 40 GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180
 GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240
 45 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300
 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCGA GCTTGATAAT 420
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480
 GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTGGATAA 720
 5 TGATGCTACC GAAGTGACTT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 1183 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20 TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TtnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTTAAA 60
 ACnACCnAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTTT AACTGAAAAT 180
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTTT AAAAGATATT 240
 AAAAATGCAA AAGAtATATC CATTTAGAGT ACwATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTtagAC TGGAAATTCGC 660
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCCGC TAGTGA CTGG CATCAAATTG 780
 45 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840
 ATTTCAITCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAaAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAAnAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAGAG ATTGAAACT TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG AACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
 10 GGATCACTCT CTCCTCCCW ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
 15 AAAAATTAACT CTCTGAAGAG GTTATAGATG TATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
 AACTTGAAAC AGATCCCAAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100
 TATTAATGAA CTTGAAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
 TCAAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
 25 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 865 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
 45 ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
 GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAAA AATCTTAATC 300
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
 GATGGAAGTG TAAACTGTa CGTGCACTTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

	GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG	540
	CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA	600
5	ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT	660
	CATGATCAGC TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG	720
	CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA	780
10	GTTCCATTG TTCAAATTCT CTGTTCTGaa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC	840
	GGaATGaTTT ACCAATTGg ACCGG	865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1444 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25	TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA	60
	CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT	120
	TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA	180
30	CGTAACGTTG ATTTCTGCCC ATATCACTCA GTGTAATTG TTTGTTATAT GGTTCATCAA	240
	GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCA	300
	CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AAACTCATTG TTATAAATAT	360
35	TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAA GTGATTAACA	420
	GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT	480
	TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA	540
40	CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG	600
	AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA	660
45	TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT	720
	CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA	780
	AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAATAA AAGAAGTTGA	840
50	AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT	900
	GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA	960

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC 1140
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACCTA ACTTTAAGTT 1320
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440
 TGGC 1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC 60
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240
 GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCGA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT 420
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA 480
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600
 AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720
 TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGUCTTCT CTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAAATGCA AGATGCAATT 900

EP 0 786 519 A2

	ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCTTAA AAAATAGAGG TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA GCGTTCTTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTTG TCTTCTTATG AATTGAGCC AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA TTACTGAAAT TGTGGGTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG	1620
	GAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAAC TCAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTCTGA	1680
	TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTCTGT	1800
	ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTT GCCGCGATCC TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG TATTCGCCCG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG AAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT	2400
45	GGTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAAGCTA AATTAAGTGA AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGGAACCATC AATTGTAGGT	2700

55

EP 0 786 519 A2

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATGTC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACGTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACG ATGGAACGTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTC ATTATCTACA TTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
40	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTCG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
15	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTAACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GCGGTGGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAnAC	AAGCGTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	ActCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTTAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
AGGTTTAAATG CCAAACCTA AAAGTGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTcaATA CyTTACAAGA	240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA	1140
ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAATCA AAGTTGTAA	1380

	TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT	1500
	AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA	1560
5	AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA	1620
	TTTGTATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG	1680
	AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA	1717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1279 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

	GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT	60
	TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA	120
25	TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA	180
	TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA	240
	TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT	300
30	CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC	360
	AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG	420
	ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA	480
35	TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT	540
	TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG	600
40	AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG	660
	GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA	720
	TGAAGAAAGA TTTcATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC	780
45	AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT	840
	CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA	900
	ATGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG	960
50	CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA	1020
	TGACTTTTAA TTAYTGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG	1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAna 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCCT 240
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTTA AAATAAATTA tATATTCATG TTGACAATTT 360
 AAAAATGTGCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTcAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAG AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATttTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10	ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrtTCAT gCATTtTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT	60
	AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTtTA GCACATACGA ATATtTCTAG	120
15	AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT	180
	TCATACCACT TTGaACATtTC aacATATtTGA AAGTtTtAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC	240
	CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATtTTCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA	300
20	AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA	360
	AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtTAGTAA TtTCTtTACG TATGCCCAACC TAAGCGAAtG	420
	CGTACATTGA CGTtAAGAAC AGTtGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC	480
25	AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTtTATAAT	540
	GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT	600
	ATTtATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT	660
30	CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTtTA TAGCCAAACC	720
	GTtGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAAA AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA	780
	CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTtT TTCAATACAC CTTtAATTGA CCATTtTAATG	840
35	TCCTtTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGtTGAATTG	900
	AAAATGAACA AATCACCCtTA TCGTCTtAAA GGCAACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA	960
40	ATGATTtTGA TTCAAATAAT TTGTGTAAATG ATGGGACTGT GGATtTATCA ACTTGATAAG	1020
	CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TtTCTCATCG GCATCATtTtT ATTATCCATT	1080
	TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTtTtTaG CAGCAATTAt TAACGTATTtT GTgTkTAATT	1140
45	ATkTtTtTtAC GGAACCTA	1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGAATAGTT	120
	ATTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAATTGT AAAAGAmTAT GAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACAG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

	AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA	1800
	TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA	1860
5	GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC	1920
	TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAAGC TACATCTCCT	1980
	CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA	2040
10	GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCTAGCT	2100
	ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT	2160
	ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTnTAAGA ACAGTGAAGT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT	2220
15	ATTT	2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1690 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

	ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT	60
30	CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTGT	120
	ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC	180
	TAAIGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT	240
35	TTTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA	300
	GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA	360
	TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA	420
40	TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAATATTA	480
	GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT	540
	AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG	600
45	CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAKCCTA AACCAAGACC AGTAAAATGG	660
	CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC	720
50	AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAAACTTTT TATTTCCTAA ATAATAAATA	780
	GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT	840

55

	AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA	960
	AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT	1020
5	TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAATG AATGCCATAA	1080
	ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT	1140
	GTTCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA	1200
10	TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG	1260
	TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACCTGAGG	1320
	CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAAATG	1380
15	GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAAATAAC AAATTGAATG	1440
	ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCAGCCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT	1500
	AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATAA	1560
20	GATATTTTGA AATTTCAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT	1620
	AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT	1680
25	AGTAAAAATT	1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 2112 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

35	ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG	60
	TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT	120
40	CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG	180
	TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA	240
45	ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT	300
	TGTTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA	360
	TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT	420
50	TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT	480
	AGTGTAaCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA	540

55

TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG 660
 TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC 720
 5 TTGATGTTTC TCTTTAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA 780
 AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG 840
 GGATTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TGGCTCTACT TAGCCAATAA 900
 10 GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC 960
 ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC 1020
 TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACCTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC 1080
 15 TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT 1140
 TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG 1200
 20 TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC 1260
 GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA 1320
 TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA 1380
 25 AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA 1440
 AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA 1500
 TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT 1560
 30 AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA 1620
 TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTA AAAATC ATTTAAATGA 1680
 CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT 1740
 35 TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTA AAAA 1800
 TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA 1860
 GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT 1920
 40 AACC AAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA 1980
 AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT 2040
 GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA 2100
 45 GCTGCTTTAG GT 2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCCTATA TAGTGTAGAG 60
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTGAAAAA 240
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT 360
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1372 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60
 30 TTTTGACTTT TATTIATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120
 TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTTG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180
 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTGTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240
 35 TACCCATTCT CTTTGCATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360
 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420
 40 TTTGTTCGCG CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540
 45 TGATAGTGTG TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTTCACGA 960
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAATCC ATTACGTTCT 1200
 TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320
 15 ACTAnATTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTC GTCTTATATA 60
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTITTC TATGTCATTT AACTAAACAT 120
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCCTTT 180
 TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAAACGTGT GCAATTTTTG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300
 CGACCTTTTC AACCATTGTA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360
 CTTGaATCAG TTCTGaTGGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420
 40 AAAGCGACTC TAAAATTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540
 GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG 564

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

5 TATCCACCCC ACGAnAGCCC CGGAAACTTA TTGTGTTACA AGATATATAA GCAGAAACGA 60
 ACAACAGTTA ACAAATAAAA TGAAATTAAA CGTTTTAAAA ATGAAACAAA TGAAATCATC 120
 TATTAGGTTA TGAAACTGTT TATAGCTTGA ATAGAAGCAT TTATTTTTTA GGAGGACAAT 180
 TATTATGCGT CAAACATTTA TGGCAAATGA ATCAAACATT GAGCGCAAAT GGTATGTTAT 240
 10 CGATGCTGAA GGCCAAACAT TAGGTCGTTT ATCATCAGAA GTAGCATCTA TCTTACGCGG 300
 TAAAAATAAA GTAAC TTACA CACCACACGT TGATACTGGT GATTATGTAA TCGTTATTAA 360
 TGCATCAAAA ATCGAATT TA CTGGTAACAA AGAACTGAC AAAGTTTACT ACCGTCAC TC 420
 15 AAATCACCCA GGTGGTATCA AATCAATCAC TGCTGGTGAA TTAAGAAGAA CTAACCCAGA 480
 ACGTTTAATT GAAAACTCAA TTAAAGGTAT GTTACCAAGC ACTCGTTTAG GCGAAAAACA 540
 AGGTAAAAAA TTATTTGTAT ATGGTGGCGC TGAACATCCA CACGCTGCAC AACAACCAGA 600
 20 AAACACAGAA TTACGTGGTT AATTAGAAGG AGGAAATGAC TTTGGCACA GTTGAATATA 660
 GAGGCACAGG CCGTCGTAAA AACTCwGtAG CACGTGTACG TTTaGTACCa GGTGAAGGTA 720
 25 ACATCACAGT TAATAACCGT GACGTACGCG AATACTTACC ATTCGAATCA TTAATTTTAG 780
 ACTTAAACCA ACCATTGAT GTAAC TGAAa CTAAAGGTaa CTATGATGTT TTAGTTAACG 840
 TTCATGGTGG TGnTTCACTG GACAAGCTCA AGCTATCCGT CACGGAATCG CTCGTGCATT 900
 30 ATTAGAAGCA GATCCTGAAT ACAGAGGTTT TTTAAACGC GCTGGATTAC TTA CTGTTGA 960
 CCCACGTATG AAAGAACATA AAAAACCAGG TCTTAAAGCA GCTCGTCGTT CACCTCAATT 1020
 CTCAAAACGT TAATTGTCGG ACGATATATA CAAACACCT CGATATTATG TCGAGGTGTT 1080
 35 TTTTGGCGT TTTTGGCGCG AATATGGAAT GTGTAGAATA TAAATGAATT TTTACCTTCC 1140
 CACCATAAAA GATGAAGAAC CATGAATGTG GAGAACAATA AATAGTTGGA TATTCTGTTA 1200
 TTTTTTTGGA AGTGGAAGTG GATTTGGAAT ACTTTACTCh AAACGATTAA AAGGTTTAAA 1260
 40 AAAACAACAA AnAGAAA 1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 673 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:
 55

TTATTGACAT TGT TTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA 120
 ThATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA 180
 5 AATCAAACAT TTITAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT 240
 GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG 300
 ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC 360
 10 TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AAACCTGGTC CGACTTAAAT 420
 ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA 480
 TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT 540
 15 GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACGTGT 600
 aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG KAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCG 660
 GTTTACCACT ATC 673
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1240 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA 60
 TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA 120
 35 CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT 180
 TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTAA 240
 TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT 300
 40 GCTTTTGTAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAAATGGTG GTGAAGGCGA 360
 TACAAGGTTA GAAATGTTA AAAAGGGATT AGAACATTTC GGTTTAGAAT ATAAAATAAC 420
 GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC 480
 45 GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT 540
 GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTCGAACAC 600
 GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA 660
 50 GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG 720

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAATCTAC CAAACTAGGT 840
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAGTT 960
 AATACTGCAG CTAATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCma ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTaa ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60
 ATGATCAaAc AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAACTTC GTAAAAGATG 120
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTGTAGAT GACGAGGATT 480
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAG 600
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTACG GAATACTTAA 720
 CAAGTAATTC AAACCTTCAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTTTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTTCAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTGCTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAATACGC 480
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGyTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGIGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560
 15 TGATCATTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680
 20 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCCG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTTGA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 50 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTCAGCA GTTATCATT CTAATTGTCC TTCTTTTTTA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAATTCAA 360
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATT 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTTTAT ATATTAAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATT 600
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTGCGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATT CTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCT 1140
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

(A) LENGTH: 1504 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGMaAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACTATT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCCTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAACCTC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGaC	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1623 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGATGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTtagaaa CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGGAAG AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTIGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560
 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGTTTTTCAA AAnGGnTATT 1620
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 605 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180
 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360
 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480
 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600
 CATT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1739 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

TAGGTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
10	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
15	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAACTGTG TTAAGTAAGC GTCCTGGAAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAAGCA	1080
30	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
35	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CAATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TTTAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1745 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
15	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAaGAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAATCCAA ATTGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCTCG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CAC TTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAATTTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTTCTCTT TCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540
TGAATATTTC TGTCTTTAAG TCTTTGTGCG ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACTATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTcAA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5 AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA 60
 CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG 120
 10 TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT 180
 CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA 240
 CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCa GTTAATCTAC 300
 15 TTA CTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT 360
 ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT 420
 AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTAAAACTTC AGGTCCTAAA 480
 20 TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT 540
 TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT 600
 TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAAATT ATATGCACCC 660
 25 TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAAAT CGATCCTTCT 720
 TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC 780
 CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTT ATCACCTACG 840
 30 ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC 900
 GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA 960
 GCACCGTCAA CTAGTAAAT TTGGTTTTTA AATTAGGAT TATACAATGA CTTCCAACIA 1020
 35 TCAATGATT CATTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA 1080
 TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA 1140
 40 TTTTAAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT 1200
 TTTTGAAC TG nATATTCACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT 1260
 TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5763 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
5	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
	CATTAATAAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCCTT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTGAAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATGTA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAAG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
55	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
5	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTTAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCGG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAaCTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGCTT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
	TGGTTGTAGG TGCAGGTAT GTTTCATTAG AAGTCTTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
30	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAaATT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAaATT TGAACAAaAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAaACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCTTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAaAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAaACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAAGTGAaTT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540

55

	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCATCAA TCCAACTACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTAC TTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAT Aaccaatcta TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
30	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTAC CATCTGTCT AATTTCAATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCGATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTGTAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTGCA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC	5280
	CATACAGCAT CTTGCGGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 422 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTT TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGATTTTC 120
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTTAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GtKtATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1188 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTC CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTCTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTAAA ATATCGGAA 600
 15 TGTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCTACC 780
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCTGCT AAGGtGTAGG 840
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTAnC TTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTATAC 1020
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTC AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGga GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGACT CAATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1373 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATTa AACTTGCTGC AACCgaAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACCTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TGCCTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTC TTTTGTCTGT TTTAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTATTA 900
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTC 1080
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACIT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TCGGTcncCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAaCAAT CGACGAaGTT 180
 AACACAAAAG CATTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300
 CTGCTTGTTG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
 35 AAAGtATTAG rAGAACGTTT ATAAaATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTT	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTGTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATT AATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTCATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTCGG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTTGT ATTAGTTTTT ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTAAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTACAAA	1080
35	CAAATTCCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAAGA GGTGGGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTAAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

55

	AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG	1860
	TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA	1920
5	TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT	1980
	TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT	2040
10	TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT	2100
	TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG	2160
	AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTC TATCAAATAA TTAATAGAAA	2220
15	TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA	2280
	TTGTAAACCT TGTCTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA	2340
	CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAAC TCAACTACAT CTAAACCAGT	2400
20	AATATATTTA ACTTGTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA	2460
	TTCAACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC	2520
	AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA	2580
25	GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC	2640
	AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnt TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TTTnGTTnTG	2700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40	ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAAa ATaATAATcG AGTTaGAGTA	60
	GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA	120
	GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAa AATCATCAGC	180
45	GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAa ATATTTGCAT AGCTAATTGT	240
	GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAaA CATATGCTAA ACCAACGATA	300
	CCAAC TAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTcAC AGCATTTTTA	360
50	GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCgCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT	420
	GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCgCAGTT	480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAW ACATGCAATC 660
 5 AGTtCkTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 10 CATTTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020
 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080
 TTAAATTGAT kGACATAAtC TCCTATTCCT TTTTATAGTT TmGATGGAA ATCAC 1135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 918 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180
 35 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCCG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTGCAATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACCTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 587 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTTGATC ATTACATTAA 60
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTTATTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTTGTTAGT AATATTTTCA 240
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
GTCCTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTT TTTAACTTA AATAGAAAGC 240
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCAATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATT ATTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAAAT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAAATGGAT TTTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACCTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 40 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
10	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAATA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTagAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
30	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
50	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
	TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

55

	AGATAGCATT	AGATAGGGAT	AATCATCTTT	GTCAAATGTG	TTTACGTGAA	GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA	CATAGTGCAT	CATATTATTT	ATGTTGATGA	AGATTTTAAT	AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA	TTTGATGTCA	GTTTGTTATA	GCTGTCATAA	CAAAATTCAT	GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG	TAATCTTAAG	AAAATTAGAG	TATTAAAAAT	TTAAATAAAA	AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC	CCCCTACCCA	TCGGCTTAAA	ATGTTTTTTC	GACGGGTACC	GGCGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC	AACGCGGATA	AACTTTTATG	AAAGGGGGTC	TTTATATGAA	ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA	AAGAATATAT	AGAGGATTAT	AAAAAATCTG	ATGACATATT	AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA	CGTATGAATT	TTATTGTCGG	TTAAGAGATG	AACTTAAAAA	TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC	ATACAAACAA	GGCTGGTGCG	AGCAATATTG	TTAAGAATCC	ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA	AAACAGTTCA	AACACTAAAT	AACTTACTCA	AGTCTATGGG	TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA	AAAGATAGT	TCAAGAAGAA	GGTGGATTCTG	GTGACTATTA	AAGTTTTTAA	2520
	TGAACCTTCA	CCAAAATAT	TAACAACATG	GTATGCAGAG	CAAGTCACTC	AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC	AAATATGTTA	AAAAAGAATG	TGAGAGACAC	CTTAGATATC	TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG	GTATTTGATG	AAGAATTAGC	GCACCGTCCT	ATTCGATTCA	TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT	TCCAAAGGAT	CTAAACGTCA	ACTTGTATTA	CAACCATGGC	AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT	TTGTTTGGTT	GGGTTTATAA	AGAAACAAAA	CTGCGCAGGT	TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT	ATGGGGCGAA	AAAATGGTAA	AACAACTACT	ATATCTGGTG	TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT	CAAGATGGAG	AAAACGGCGC	TGAAATCCAT	CTTTTAGCAA	ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG	ATTCTATTTG	ATGAATCTAA	GGCGATGATT	AAAGCTAGCC	CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT	AGACCTTTGA	GAGATGAAAT	TCATTACGAT	GCAACTATAT	CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT	TCAGACAGTG	ATAAGTTGGA	TGGTTTAAAT	ACACATATGG	GCATTTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT	GAATTTAAAG	ATTATAAATT	GATTTTCAGTT	ATAAAAAACT	CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA	CCCCTTCTTA	TCTACATTAC	GACAGCAGGG	TACCAACTAG	ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG	GTAGAAGCGG	GAAGAGACAC	CTTAGATCGA	ATCATCGAAG	ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT	TTAGCTTCTC	TCGATGATGA	CGATGATATA	AATGATTCGT	CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT	CCTAACCTAG	GTGTTTCTAT	CGATTTAGCT	GAAATGAAAG	AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG	AGAACACCAG	ATGAACGTGG	AGATTTTATA	ACCAAAAGGT	TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT	GATGAGATGA	GTTTATTGA	TTATCCAACA	CTTCAAAAAA	ATAATGACAT	3540
	TATTTCTTCA	GATGAGTTGG	AAGGTAGACC	ATGTACTATA	GGTTATGATT	TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCTTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900
 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAACGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTATTAG TATTaAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnaAGTTAT 4380
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500
 ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
 5 ATTGAAGGTG TATTGatGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAAA 840
 10 TATGGGTACC ATGATTTAna AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCcA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAAATGGAA 660
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTAAAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGACT TTATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTAT TAGA AAAATCTGTT CAAATAAAG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAAATCA TTAAATAAAT TTAAGGATGT GGAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

55

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940
 GTAAAAATGG TGTTCGTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAAACCAA 3000
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120
 GT 3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAnAGATAT AnAtnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAAATT TAACAATTCT 60
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTCAC TGGCAATATC 180
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300
 30 TTTTAGAAAA AGAATGTCG ATTGACAGA GGTGTGCGT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCITTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG 600
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGACACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA TGTAATTGTC CTGAAATTGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGG _a ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
15	TTTAACTGA _a aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
	CAAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCAATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGTACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCAA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTAC _a CATTA GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAA AATAATTAAG AAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTG CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAATAG TTGAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

55

AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360
 TTTCAATTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTGCG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT 3480
 AGCTACGTCA ATTGTAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720
 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780
 25 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT 3900
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960
 GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1353 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGaTG ATTTAAAtAG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 20 GCGTCAAAC CAGCAACAAA TTATTATATA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTACAAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320
 30 TAATAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACC GC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA 540
 5 CTTTCATGGT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600
 ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTC TGATCGGCTT TGACGTTTTG 720
 10 GTTGTCTCTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780
 CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA 840
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900
 15 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020
 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080
 20 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140
 CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200
 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260
 25 AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA 1320
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAA TTGAATCGCT TTAATACCTT 1380
 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTG 1440
 CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTC ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT 1620
 TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680
 TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGThTTAAAC CATGGAAATT 1860
 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTGGCTAT GGTGTGTTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920
 45 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTThTT 1980
 TATAATT 1987

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTANT GCGCTcTAT CGAGTATACT ATTAAC TTCA ACTATTTTAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCAC TTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AAC TGATTCA AAAC TTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTT CATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA T TACTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATT	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAAC TCGCG CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAAC TTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 433 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTACC G ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTTCGG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAAACTT 720
 50 CTTTTTTC AA AGCAAGTACA GGTGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960
 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020
 TAAGTGCACT ATTTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTTAACAATT TGTTCATAA 1080
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140
 TCGTTAAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTCGTAC CTACTCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACTG 1260
 15 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320
 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GaCtAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440
 20 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAG CATAAATTCC 1740
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTtATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTACAATG 1800
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAAThG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAAATT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60
 45 TGAAGCTTGT GCGCCTTGT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120
 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180
 CITATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTC TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTT GAATGCTTTC 360

55

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTGTCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCATTG GACGTTGTCC 600
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 10 TAATTTTGG TACCCTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1565 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGCnC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAAGTTAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080
 15 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTACTGAT 1140
 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGT 1200
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTCAC ATTGGAAAGT TAAATTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2870 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATaTc TGGrATTcYc GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA 540
 TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTGTATTTT TACTTTCCAG 600
 5 AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC 660
 TCACCATTIA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT 720
 ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG 780
 10 CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTG TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA 840
 CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCTTGCT 900
 15 ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA 960
 TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA 1020
 ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTG 1080
 20 CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT 1140
 ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA 1200
 ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA 1260
 25 TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG 1320
 GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTTGTCCGC GGTGGTCGTG 1380
 AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA 1440
 30 TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT 1500
 CTCGCTGTCTG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACCT 1560
 35 TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG 1620
 ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT 1680
 ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC 1740
 40 TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA 1800
 AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG 1860
 TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA 1920
 45 AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AACTGACTA 1980
 TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA 2040
 ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT 2100
 50 TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA 2160
 AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG 2220

55

	TCAATGATTC	TGCATGGCAA	ATGAGTTTTA	CAATCAATCG	TCAGCAACAG	TTTAAAGACC	2340
	AACCTGAAAA	TGAAATATCT	ACATGGATTT	ATGCCTTATA	TTCAGATGTA	AACGGCGATT	2400
5	ATATTAAAAA	GCCAATTACA	GAATGTAGTG	GTAATGAAAT	ATGCCAAGAA	TGGCTGTATC	2460
	ACTTAGGTGT	ATCAACTGAC	AAAATTGAAG	ACTTAGCAAA	ACATGCATCT	AATACGATTC	2520
	CTGTTTATAT	GCCATATATC	ACATCTTATT	TCATGACGCG	TGCTATCGGC	GACAGACCTT	2580
10	TAGTCGTCCC	GCATCAATCT	CAGAACTTAG	CATTTATTGG	TAACTTTGCA	GAAACAGAGC	2640
	GAGACACTGT	ATTTACAACA	GAATATTCGG	TTCGTACTGC	CATGGAAGCT	GTTTATCAAT	2700
	TACTAAATAT	AGATCGTGGT	ATTCCAGAAG	TCATCAATAG	TCCATTTGAT	CTTCGCGTCT	2760
15	TAATGGATGC	CATATACGAA	CTGAATGACC	ACCAAGATTT	GCGTGAGATT	ACTAAAGATT	2820
	CGAAATGCA	AAAACCTCGCA	TTAGCAGGAT	TCCTTAAAAA	GATAAAAGGT		2870

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3105 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30	CnGTTTAGCT	GCAAAAAGTA	AATAACGACA	CTGTATTTGG	AATTTTGCAA	TTAGAAACAC	60
	TTTTGGGTGA	CATTAACTCA	ATTTTCAGCG	AGATTGAAAG	CGAATACAAA	ATGTCTAGAG	120
	AAGAAATTTT	AATTTTACTA	ACTTTATGGC	AAAAGGTTTC	TATGACGCTT	AAAGAAATGG	180
35	ACAGATTTGT	TGAAGTTAAA	CCGTATAAGC	GTACGAGAAC	GTATAATAAT	TTAGTTGAAT	240
	TAGAATGGAT	TTACAAAGAG	CGTCCTGTTG	ACGATGAAAG	AACAGTTATT	ATTCAATTCA	300
40	ATGAAAAGTT	ACAACAAGAG	AAAGTAGAGT	TGTTGAATTT	CATCAGTGAT	GCGATTGCAA	360
	GTAGAGCAAC	AGCAATGCAA	AATAGTTTAA	ACGCAATTAT	TGCTGTGTAA	GTTTAATAGC	420
	ATAAAAAGAG	GTTTTCATTA	AGTTGAAAAC	CTCTTTTTGT	TGTTGGCATT	AATTTTTCAA	480
45	ATGTTGACTA	CTCAATCCTA	AATTATAAAT	AGTATAGCGC	aCAAaTGCTT	AAGAAATTTT	540
	TTCTATGGCA	CAAATGAATG	GAGCATGATT	ACGTTGGTTT	AAAAATTGAT	ATTGCAAAAC	600
	TTGCGCATGC	TTTTGATCCA	AAGTACTCAA	GTAATCAAGC	AATGCATGCT	TCTCAATTG	660
50	TCCTTCGCTA	TGACCATGAT	ATATAACAAG	TACAATAATA	CCTTCAATTG	ACATTAAATGA	720
	TAGCAATGAA	TTAATAGCTT	GGATTGTCGT	GTCAGGCTTT	GTCACGATAG	ATTTATCACC	780

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGATTTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCCGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACC GGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTTG TGCACTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCAGGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTTCAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
35	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTTGGCA TGGTTATTGG AAACCTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGSTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA 2700
 ATGCGAAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT 2760
 5 TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT 2820
 GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG 2880
 TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTG 2940
 10 TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT 3000
 TGTCGTTCTT TGTCACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA 3060
 15 TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT 3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG 60
 AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG 120
 30 AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA 180
 CATCAGCACC AGTGTTTCGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC 240
 ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG 300
 35 GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG 360
 AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT 420
 40 GGTATATGA ATAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG 480
 GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA 540
 GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACACG TAtTaAAAAaG AGAGGAATAT 600
 45 TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGAA TATTATTTTCG 660
 ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT 720
 TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT 780
 50 TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTIGaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT 840
 TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA 900

	GATACGATTA TATTAAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
10	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGACGTC GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTACT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTCGTGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860
	AGATTCAATT GGCGGTGTCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
30	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
35	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
50	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA	2700

55

EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG	CACTTTATAC	AAGTGCCAAC	GACTATACTA	GCGCATGATT	CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG	GGTATTAAC	CAAAGCAAGG	TAAAAACCTT	ATCGGTGCAT	TTTATCGTCC	2880
5	AAGTCTGTG	ATTTATGATT	TAGTCTTTTT	AAAGACGTTA	CCATTTGAGC	AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA	GAAGTTTATA	AGCATGCGTT	ATTGAATGGT	GAATCAGCGA	CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC	TTTAAAGATA	GAGAGATATT	ACAGTCATTA	AATGGTATGG	ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT	ATTGAAACGA	AGCTGGATAT	TGTTATTGCA	GATGAAAAAG	AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT	TTAAATTTAG	GTCATACATT	TGGTCATGCT	GTTGAATACT	ATCATAAAAT	3180
	ACCTCATGGT	CATGCAGTGA	TGGTTGGCAT	TATCTATCAA	TTTATAGTTG	CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT	AAGCATGATA	TTAATCATT	TATTCAATAT	TTAATACAAC	TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG	ATAACTGACT	TGGATTTTGA	AACGTTATAC	CAATATATGC	TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT	AAGCAAGGTG	TACAAATGGT	CTTGATTAGA	CAATTTGGAG	ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT	GATCAACTAA	CATTACAACA	TGCATGTGAA	CAATTAAAAA	CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT	GAAATGGTAA	ATGAACAAAT	CATTGATATT	TCAGGTCCGT	TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG	CCGGGCGATA	AGTCAATGAC	ACACCGTGCA	ATCATGTTGG	CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA	TCTACTATAT	ATAAGCCACT	ACTTGCGGAA	GATTGTCGTC	GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA	CTGTTAGGTG	TAGAAATCAA	AGAAGATGAT	GAAAAATTAG	TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT	CAATCTTTTA	ACACGCCACA	TCAAGTATTG	TATACAGGTA	ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA	TTATTGGCAG	GTTTGTTAAG	TGGTTTAGGT	ATTGAAAGTG	TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA	ATTGGTAAAA	GGCCAATGGA	TCGTGTCTTG	AGACCATTGA	AACCTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT	GAAGGTATTG	AAGATAATTA	TACACCATTA	ATTATTAAGC	CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA	AATTATCAAA	TGGAAGTTGC	AAGTGCACAA	GTAAAAAGTG	CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG	TTTTCTAAGG	AACCGACCAT	CATTAAAGAA	TTAGATGTAA	GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG	ATGTTCAAAC	ATTTTAATAT	TCCAATTGAA	GCAGAAGGGT	TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT	GAAGCAATTC	GATACATTAA	ACCTGCAGAT	TTTCATGTTT	CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA	GCGTTCTTTA	TTGTTGCAGC	ACTTATCACA	CCAGGAAGTG	ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT	GGAATCAATC	CAACACGTTT	AGGTATTATT	GATATTGTTG	AAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC	CAACTTTTCA	ATCAAACAAC	TGGTGCTGAA	CCTACTGCTT	CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA	CCAATGCTTC	AACCAATAAC	AATCGAAGGA	GAATTAGTTC	CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAAGTG	CCTGTAATAG	CATTACTTTG	TACACAAGCA	GTTGGCACGA	GTACAATTAA	4500

55

	AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA	4620
	ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC	4680
5	AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT	4740
	ATCATTTCCTA GGATTTTAC CAAAACCTAAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT	4800
	GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC	4860
10	TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC	4920
	ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACAA	4980
15	ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA	5040
	AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTGGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT	5100
	AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA	5160
20	AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA	5220
	TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA	5280
	ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG	5340
25	KAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG	5400
	AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA	5460
	AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAaGCTAC TTGTATTTAC	5520
30	aATCaTTATA TG	5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

	AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC	60
45	GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa	120
	ACTTGGAGAA AAACtCaCa CTAAAAaGC TACTATTTCa AATTATGAGA CAGGGTACAG	180
	AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA	240
50	TTTGTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACtCAC	300
	ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA	360

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480
TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540
5 GGAACCTATG TTAAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600
TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660
CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720
10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780
CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTTCAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840
TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900
15 ATTCACCTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 417 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGHAAATGC AAACCAAAAT ATGATCCTCG TGCAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60
30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120
TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180
35 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240
GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300
GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360
40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCACAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTGGyTC 540
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAG ATTATTGTT GGTCTGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120
 35 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATA TCTAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCCTatT GATTAAGTAC CACGGtCAat ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTAAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTC	CGTATAAAAA	ATGGAGAGtA	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATT	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
15	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTC	CGGTATGACA	TTTGAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGA	TGGGAAGTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATT	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA	GTCTACGTT	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACTTCAGTT	TTGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCACT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAAC	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCGGA	ATTTTAAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520
55							

	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GCGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
10	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAaTA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
	GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAGTAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTC TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTGCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCACTACT AAAACAAATT CATATTAECT	4320

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTGT CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
15	GATGGTTTAT TCGAAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
	GCAACGTTAG TTTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTGTGCGT ACTTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGTTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT	5460
35	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10	AACAAAGCCT TCCAATTATC TCGTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG	60
	CTAAACAGTC CTTACGATT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTTCGATTCA	120
	TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA	180
15	GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA	240
	AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA	300
	GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG	360
20	CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG	420
	AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG	480
	AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT	540
25	ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC	600
	GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA	660
30	AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA	720
	TTTGCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA	780
	CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA	840
35	ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT	900
	ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG	960
	CTTATCCACG GGGAGTG	977

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50	AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC	60
	TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT	120

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CtATTGTAAC ATCTGGTAAC 600
 15 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT 840
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900
 TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCa 960
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTT AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTTCaATA 1200
 ATGTCATTIG CTTGTTTAAT AACGAAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260
 35 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAAACTTGT CTAGTAAAGG 1320
 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTTCTACAA 60
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAATTACA CCCTCAGCAA 120

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TCGCGTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG 720
 TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTGACCT ACGCnAACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAAA AACAGTCTCG 60
 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 35 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTC CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTTCATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTGTGCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTAC GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTCGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
15	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC AACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAgCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTAAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCCG	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTAAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTAAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 525 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTTAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA~~r~~ACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360
 5 CAAAACGTAC TTTCATAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCAC~~T~~ GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTT TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCA~~G~~T TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCAIT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CCGAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAGCTC TTTATTCAGT TCTCTTATTA 480
 35 TTTGTCTGTC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 40 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900
 TTA~~C~~TAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG CATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTT TCTTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTYCTTTTGTG TTCTGGTGTG ATTTACGCTC CCCCTAATT AGCTCATAA CCGAATTGAG 1320
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTTCGTCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTATCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGAAGTAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTCATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTAATAC CACTGATTAA CCATAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAA ATGCTGCTG CTGTTTCTG ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAAGTGT 420
 TGTGGACAC AT 432

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2426 base pairs
 40 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACAG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTTACTAAAT AGTAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATGTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
35	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTGGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGTAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220
 5 CTCCTTGTTT ATAATTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400
 10 ACTTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGGaAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240
 30 ATGCATTAT TGTCTGAGTA TAGTTCaAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300
 GCTGATACCA CGCCagTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480
 TAGGTTTTCA CCGGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540
 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600
 40 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAeTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTTta ATATTTTACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

	TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA	1140
	GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG	1200
5	ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT	1260
	TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA	1320
	GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT	1380
10	TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT	1440
	CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC	1500
15	CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT	1560
	ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT	1620
	TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC	1680
20	ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT	1740
	AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC	1800
	GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA	1860
25	AAATAAAATT AAAA	1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 5280 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

	TCAACATTTC TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA	60
40	ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTTCATCTCC	120
	TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA	180
45	AAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG	240
	TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT	300
	TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTAA CAGTTTTTAA	360
50	AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT	420
	TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG	480
55	TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA	540

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGG TCTGATAAAG	840
	ATAAAATTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
	ATTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
15	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACAACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTGA AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATT	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTT CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
50	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTC	2340

55

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCACT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAACCT AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGA CTCTCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
25	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCTAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTGG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTIATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCTAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCTTT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATTT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

EP 0 786 519 A2

	CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA	4260
	CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA	4320
5	AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG	4380
	GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCCA GATTATTTCA	4440
	TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA	4500
10	ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG	4560
	GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA	4620
15	AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC	4680
	AGATTTCCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC	4740
	TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA	4800
20	CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA	4860
	ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC	4920
	ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTATT	4980
25	GTTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG	5040
	AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA	5100
	CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT	5160
30	AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAACATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG	5220
	AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG	5280

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 886 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45	AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT	60
	AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA	120
50	GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAmA	180
	TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA	240
55	AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT	300

	GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT	420
	AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA	480
5	ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT	540
	TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA	600
	TCTATATCAC TCATAATATG TTAAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA	660
10	TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA	720
	CAATAATGCA CTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA	780
15	ATTACTTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTAT	840
	CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC	886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4336 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30	GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAAGTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT	60
	TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA	120
	AACAATAAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAATATA TTTGTTTTTC	180
35	ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT	240
	TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG	300
	AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA	360
40	CAACAGGAAC TTAAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG	420
	TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA	480
	AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA	540
45	AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG	600
	GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG	660
50	GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT	720
	CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA	780
	AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC	840

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
25	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGC GGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGAATGCAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AAACCTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AACTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTGCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTITTAAT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAAGTT AAAATATAAA CAATTAAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAATTTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTAAT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

- (A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10 TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTCAGGTT TAATTTCAAA 60
 GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC 120
 ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT 180
 15 AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGAAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT 240
 AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC 300
 TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT 360
 20 ACCTCGAAGT TGTTCAaATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG 420
 aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CAnTGTCaAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA 480
 25 TTCTTTA 487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

35 TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA 60
 TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG 120
 40 CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT 180
 TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG 240
 45 AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT 300
 TGAACCTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG 360
 GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC 420
 50 TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA 480
 AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG 540
 55 CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA 600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAc ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTcACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTc ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCa 180
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTTTTG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTGTGTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TTGTTCCTCA aAAWAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTc ATAAAATACT TCCTCCATTc AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAaATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 50 AAACATTTcG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTGTGA CGCTTGTCaA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AATGTCTTC ATAATCTGAA ACGTCTTTCA 660
 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720
 10 CATAATCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4923 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60
 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTATATAAT 120
 50 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCCTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGAATATCTT	660
	GTTTAAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTGTTT AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TGTTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACA ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTAGTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTGTC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTTCTG	1560
40	TATGTTCAAGT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAAAT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
50	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040
55		

AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA 2160
 CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT 2220
 5 AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TCGGACGCTT TCTGGAACAC 2280
 CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT 2340
 10 CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC 2400
 GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT 2460
 CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTCTAAT TCAGTCGGTG 2520
 15 TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG 2580
 CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA 2640
 CATCATATAA ATATGCACCG TGTCCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG 2700
 20 CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT 2760
 GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA 2820
 TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA 2880
 25 GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT 2940
 ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT 3000
 ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA 3060
 30 GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA 3120
 TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTAAATTAG CTAAGAAAT GCGGTATATC 3180
 35 AGTTAAAAAA ATCATTGGGC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG 3240
 ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTAA GGTAAAACA CAAATAGAAG 3300
 AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA 3360
 40 AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTAGAT TTAAATTTT ATAAAAAGC 3420
 ATCAGAAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG 3480
 TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTGCAAC 3540
 45 GGGTGTAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG 3600
 AAAAGGTGTT CAAGCTAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATT TAGATGATTA 3660
 TAAAAAGATG AACTATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAAAATC 3720
 50 TGGTAAACGC CTATCAGGAC AACAGTTTT ATTTTAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG 3780
 AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA 3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTCGAC ATGCATATTT 4080
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTCT TCACATACTs 4500
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTG 4560
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTAT GGAGTTTGTA 4800
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAA AGCGTTACTw 4860
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920
 TTT 4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 917 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60
 TGGTTCCGAT TAATTGGGAA CCTAACChTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120
 50 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180
 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTT GTTTGCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240
 GTCGATTGGT TTCATTAAAT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTCGT CTTCATTGCT 480
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCCTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTTCCACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTCTC 660
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840
 15 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

30 ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TTTCAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTC TTTCACTTTT AGAAACTTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAT ACCTTTTTcG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1374 base pairs
 50 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

	TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG	60
	TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCTC	120
5	ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA	180
	TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA	240
	TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA	300
10	ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCTCA AGTATTTTGA TTGATAATAT	360
	CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA	420
15	TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA	480
	TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC	540
	TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA	600
20	ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA	660
	AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT	720
	TCTTCCAAC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT	780
25	CATTTATCGC ATTCAATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT	840
	GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT	900
	GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCTC CGGTGATCCT GTyACAAAGA	960
30	TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA	1020
	GATTCACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT	1080
35	CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTAATCGT TTAGCAGATA	1140
	CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAGA TGCATCTGGT TGTTGCGGTA	1200
	ATAAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCaTCGT TTCTCCaNGt TACTTCCAAC	1260
40	TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA	1320
	TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTaAaAATAT TGAT	1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1472 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

55

TTACCTCTAG GCATGTCCTT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTAAAA 120
 TTGTCCTTTT TGA AAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300
 AACAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 10 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420
 CGCTTTTTCA AAACATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 CATAGCATGA TTAAATACT TTGCCGCTTC GTAACCTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 15 TTGTCGtKgt GCGCTTGTC AAAGTGATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140
 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 35 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCTTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1054 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAC AGAACAAATT	60
	ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA	120
5	GGCGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT	180
	CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAAATTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC	240
	TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC	300
10	AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC	360
	TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT	420
15	TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA	480
	GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCAATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA	540
	TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT	600
20	CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT	660
	AGATGTTTTT AGTGAAACT TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA	720
	AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT	780
25	CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC	840
	AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG	900
	CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA	960
30	GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA	1020
	AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG	1054

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1057 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45	AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG	60
	AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC	120
50	GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG	180
	TTTTGTAAAT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA	240
	TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT ACAAAAAATAG TAGATTCCAA	300

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCAATAAA 480
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 10 ATAATACTTG CTTCAACCACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840
 15 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCAATTTT TATAAAAaAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGrATATATA CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3754 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG NTGTAGTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTaAT TTTCTGATaT ATCATATGTx ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT	ATCAATAAAT	TCTTTTTTAG	TCATCTTTTC	ACTTTCATTA	GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT	TGGTAATAAA	GATGAATTAT	TTTTCTTATT	ATTATATTCA	TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG	CTTTTGCTTA	ACATTATTCA	ATTTCATCGT	CATTTTACCA	TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT	TTCTTTTTTA	GCTTTTTGTA	GAAAGGATGC	TATTTTGTA	TTATTTTAAT	960
	AATCTAATAC	TTTTTATCTC	AGTTTCATCA	AACGAATAAA	CAGCAAAATC	AGTCTGTATA	1020
10	TCTACAACAA	GATTTCCGTG	TTGCTCTCG	AATTCATTTT	CATAGTCAGT	TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT	CATTATTCAA	AAGCGTGATA	ATAACATCTT	TACGATATGC	ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT	TTCACCTACT	TATCAATATA	AGGTACTATA	TGAGcACCTG	GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT	cCCTTTCTGG	TTTCAATATA	CACATTTTCG	ATATGTATTT	TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA	TTAATAATCT	CTTTCAAATC	AAATCGCTCA	TCACTTAATA	TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT	TTTTCTCTTA	ACAATTCATT	CAATAAATCT	ATAGAAAGTA	TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT	TTATTATTTA	AAATGGCTCT	TTTTTTATTT	TCATTATATA	GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT	CTATTTTATT	TTCCGCAATT	TATTTCTATT	TTTATTTTAC	CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC	ATCTGGTTTT	TAGCTTTTTc	CTGtAATTAT	GCTTCTTTTA	CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACc	TCACGCTCTT	TAAAGAACTT	GTCCCGCCAA	TTGCCAACAT	GTGGCACTGT	1620
	GGTACTTCTA	CACCAAGGAT	GCATAGGTGG	CGCATTCACA	CCTGGTATCA	TATCTTTAAC	1680
30	TTTAAATATT	TTTCCGTTAA	GTGAATGACA	TAATTTAGAT	GTTTTACTAT	CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA	TATTCGCCAT	CTTCACCAAG	TTCTTTTAAA	TATGTAACT	TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA	GTAAATAGTT	AAAAAAGCGT	ATAAAAATAG	CACCACTTTC	TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG	ATGCTATTTA	TCTTTTGAAT	TTGAATTCIT	TTTCGCTTTT	TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC	AACTAATTCT	TTAAAAGATT	CACTCAATTC	TTTTGCAGTT	ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA	ATCTAACATA	ATTAAAATCA	TCTCACTTTA	TATTTAATCa	TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT	TTCAATAATT	TTTCAATATG	GCTATCATTa	ATGATATTAA	TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA	CAAAATTTAC	TCACTATTTT	ACCATGAAAC	CTATTTGACT	TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT	CCCTTATTAG	TAACGATTGT	CATTGATTTT	ATTGATGGAT	GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA	TCATATTCTG	AAAATCCTGA	CTGTCCAGGA	TGGTTATGTA	ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT	TTACTGTATA	ATAATAATTC	GGTTGCTTGT	TACCCTGGCA	CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA	TTGACATATA	CTTTTGTA	TTTACCATCT	TTTAACAAAT	AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA	TTGTTTTCCA	TGAGATATAC	CTCCGTTTAT	AGtCTGTCCA	CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
 5 TCTTGTATTT TTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
 CATTGTAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAATATT TATATGTAAC 2760
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTCCACC TCTAATTAAT 2820
 10 TAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAATT 2880
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
 15 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
 TTGAATAAA TTTTATTTA TATTAgTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600
 35 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
 TTTAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 815 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTTCAG 120

	CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA	240
	CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG	300
5	GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC	360
	AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA	420
	TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT	480
10	TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA	540
	ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA	600
15	TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA	660
	GTAGTGT TTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA	720
	GGATTGT TTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA	780
20	ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT	815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 919 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

	GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT	60
35	CTCGATAmGT TGATTAAATAT TTTAAATAAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA	120
	TTATGTTnAA TTGACnCCTC CTAATTTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGT TTTATT	180
	TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG	240
40	CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT	300
	AAATAGTATT ATTCAC TAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT	360
	TATTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT	420
45	GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA	480
	GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA	540
50	GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA	600
	CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT	660
55	GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT	720

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
 ACTAAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420
 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTCACTAGTG GTGCacTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

	CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCOA TTTTAAATA AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTCAGGTTT ACCATTCTGT TTAAATATTA GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTGTTGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA	1020
	TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCATTAAA AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTCG TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT	1260
	ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA	1320
30	TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA	1500
	TATTTCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT	1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 968 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50	ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA	60
	TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA	120
	GGTGTAAGT CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT	180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTa 300
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420
 GCCGATTAT TTTTAGATTc TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCG CGTAGAACCT 660
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 436 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTc 60
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTCA 120
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTTCATATT GAGTTCATAT 180
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAATTTcG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTIAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360
 TTCGTwATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420
 aaATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTGTGTC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTCACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCGCTT TTTATCACG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAAT AAATTCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCCA AAAATTAAct CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTTCATCA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTAA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TaaACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TLaTCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGtKGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTCGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTc	1500
55	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740
 5 AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800
 ACAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATAAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100
 ATTGTTTTCT CAACACTTTC AGGTCTACA TTGCCGACAA CATAAACAGA ACATTGATCA 2160
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280
 TTTAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400
 25 ATGATTTCTT GtAATAAATC TAATCCTGa TTAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA 2460
 CGkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520
 30 GTACTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA 2554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300
 TGTAAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360
 55 TctCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTGGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GGCGCAATGA 840
 AAGTGTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTAA CAAAGTAATA 960
 AAAAAGCAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTAA 1080
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTC TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 676 base pairs
 35 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120
 CACTTGATGA CCAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT 300
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTAA ATTTGATATC TTGGATGTGT 360
 55 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AAAAAATGKA 540
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600
 5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAAG GCACAAAAAA 240
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300
 30 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360
 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTa ATGTTTTTTTT CTAATAACTC 420
 kAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 894 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60
 CTTGTTGTGA AACGAActCT TGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTAa AAGATCTCCT 120
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAActTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480
 5 TGATACGATT TTAAAAATTT ATTCATACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCCTAAAC 600
 10 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660
 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 441 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

30 TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180
 35 TAATTTAAAA TTAAAAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300
 TGATTTTTCA GATTCAATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAna GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1205 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

	AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC	120
	TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT	180
5	GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTTAAACATT TGAAAGAAAT	240
	ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTC TTGAAAAAAC	300
10	GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATTGGA	360
	ACTTTTGTAA ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTGGAAGTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT	420
	CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCACTA AATCACCTTT ATATTAGTT TCTTGGCGAT	480
15	ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA	540
	TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT	600
	TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA	660
20	TTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA	720
	AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAATATT	780
25	TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT ATtTCATGAT	840
	TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA	900
	ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA	960
30	TTAAAAATAG TGTTCGTAAG TGTTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAATG TTATGGAATA	1020
	AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT	1080
	TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT	1140
35	AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT	1200
	TTCGT	1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 570 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50	TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT	60
	AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT	120
55	TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA	180

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300
 TGTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480
 10 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540
 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 939 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120
 TTTATTCTCG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACCTTA 180
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTCG GTACTATTTT 240
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGtKt ACGATGCTTT tATATGATGG 480
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTTGAAACG 720
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10 GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA 60
 TATGATAATG GAAACATTTA TGTTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT 120
 TTATGGGGCG CTGAAaGTyG GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG 180
 15 TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTTACA 240
 GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC 300
 AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGCG CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA 360
 20 TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAAATATTA 420
 TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT 480
 25 ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT 540
 AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTTATAC TTCATGCACT 600
 TTAATCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG 660
 30 TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT 720
 ATAAAATTTA TTctTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG 780
 CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTT GAAATTCTCT 840
 35 ATGTTGGGGC CCCGCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTCGGTCA 900
 ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA 960
 TTCCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT 1020
 40 TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT 1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

45

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55

GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTGGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG 60

TTCAACTKGC TTTTATTCT TTTCGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360
 10 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420
 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTThAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60
 AATTCACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTTGCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120
 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300
 GTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGTAATCA 360
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAT 420
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600
 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTCACCAAC 660
 AAGACGCGAT AAACCTTCAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720
 50 ATAAGTGTTA AATGAACCTT TCAAAACaNA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

(A) LENGTH: 1095 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

5	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
10	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTCAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTGTGTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
25	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
	ATAGAGTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTA TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATT CCAATCATCT AAATTTCACT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTCACTT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy	1020
40	CTYCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTAAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTC TAAGCTAATT CTTTATCCTT 180
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240
 AGTCTTGCGA TTAAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300
 10 ATTTTTCGGA TGAATATTG AATTGCGGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360
 AACTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCA TAATTAATTT 480
 15 GTnGATTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1287 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTGTGTA AAAATTTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240
 35 GATATGAGTC GTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTGCGAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGTCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTCTCTT GGAATGCTTT 900

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAATC CATAAnAACA ATAAATGTCA 1200
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAAC TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240
 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTGGA 360
 35 TTATTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420
 ATTGTGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTCC ACCTATTCAA 540
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTAAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660
 AACTAAAAA CAAGTCATT AAAATTCCGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960
 ACTTGTAATT ATTTTAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140

CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTT ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200

5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTT 60

20 AACTTTIATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCACT CTGTTGCTAG 120

AGCTTGTTCTG TGTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180

TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240

25 CATCATTGTT CTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300

TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360

30 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420

ATGACTCTGC CTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60

45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120

AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180

50 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240

TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300

ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAATA ATTGGTAAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCC AAAGTGTCTG TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1472 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAAATAAAT GGCTTTAAGC CTCTCTCTTT TTCACCTTCA AGCATATCTG GTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACCTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATT ACGTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTCACAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTACC AAGACCACT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTTGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATTAATTATA CGAAATCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGTTT CAATTGTTCA TTAACAAGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTCA CCACATCCA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCAATTA TGATTCCAAC GGTATATACC ACAATTCAAC CAAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	TAGTGTCTTCT TATGCACTG GACGCGTATG CGAACAACCTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG CATTTCCTAT AACATTGTAG CGCCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCCAGACC	1140
	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGACTCTA	1200
50	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTT CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCTnAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCTG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300
GGATGTGGTC TGCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTGT 600
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660
TTTCAACACG GGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTATCTTT CTCTGTCTTA 720
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:-

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420
 TGCAATTTAG GTTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480
 CGCAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600
 GTTGTCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660
 TCGAGTTGCT CTTTTAATTT GGTAGATTG TTTTITAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTAtActCTT 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTAAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360
 45 ActAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmATaTgtAT TAACCTTTTT TA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4709 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTGTATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTAACCAC	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGASAACA ATGGTCATGA AGCTGATTGT AATGTACGTA TGAATTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAGAAA TTTATGATT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAA TATCATTCAA TTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAAAT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGTTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAATTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGGC	1560
50	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

55

	GTCAAACACT AATAATGGCG AAACGAGTGT GGCGCAAAAT CCAGCACAAAC AGGAAACGAC	1800
	ACAAATCATCA TCAACAAATG CAACTACGGA AGAAACGCCG GTAACGGTG AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG AATCAAGCTA ATACACCGGC AACAACTCAA TCAAGCAATA CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG AATCAAACAA GTAATGAAAC GACTTCTAAT GATACTAATA CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA CCTCAAAATT CTACAAATGC GGAAAATGTT TCAACAACGC AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA ACACCTTCAA ACAATGAATC AGCTCCACAG AGTACAGATG CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT AATCAAGCGG TTAATACAAG TGCGCCTAGA ATGAGAGCAT TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT GCAGATGCAC CGGTAGCTGG CACAGATATT ACGAATCAGT TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT ATTGACTCTG GTACGACTGT GTATCCGCAC CAAGCAGGTT ATGTCAAAC	2280
	GAATTATGGT TTTTCAGTGC CTAATTCTGC TGTAAAGGT GACACATTCA AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA TTAAACTTAA ATGGTGTAAC TTCAACTGCT AAAGTGCCAC CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA GTATTGGCAA ATGGTGTAAT CGATAGTGAT GGTAATGTTA TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT GTAAATACTA AAGATGATGT AAAAGCAACT TTGACCATGC CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA AATGTTAAAA AGACAGGTAA TGTGACATTG GCTACTGGCA TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC AAAACAGTAT TAGTAGATTA TGAAAAATAT GGTAAGTTTT ATAACCTATC	2640
30	TATTAAAGGT ACAATTGACC AAATCGATAA AACAAATAAT ACGTATCGTC AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA AGTGGAGATA ACGTTATTGC GCCGGTTTTA ACAGGTAATT TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT AATGCATTAA TAGATCAGCA AAATACAAGT ATTAAAGTAT ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT GATTTATCTG AAAGTTACTT TGTGAATCCA GAAAACTTTG AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG AATATTACAT TCCCAAATCC AAATCAATAT AAAGTAGAGT TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA ATTACAACAC CGTATATAGT AGTTGTTAAT GGTCATATTG ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT TTAGCTTTAC GTTCAACTTT ATATGGGTAT AACTCGAATA TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA TGGGACAACG AAGTAGCATT TAATAACGGA TCAGGTTCTG GTGACGGTAT	3120
	CGATAAACCA GTTGTTCCTG AACAACTGA TGAGCCTGGT GAAATTGAAC CAATTCCAGA	3180
45	GGATTGAGAT TCTGACCCAG GTTCAGATTC TGGCAGCGAT TCTAATTCAG ATAGCGGTTT	3240
	AGATTGCGGT AGTGATTCTA CATCAGATAG TGGTTCAGAT TCAGCGAGTG ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT TCAGACTCAG CGAGTGATTC AGATTGAGCA AGCGATTCCG ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC TCAGACAATG ACTCGGATTC AGATAGCGAT TCTGACTCAG ACAGTGACTC	3420
	AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCAGATAG CGATTCTGAC TCAGACAGTG ACTCGGATTC	3480

55

CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTG 3600
 CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTG 3660
 5 AGACAGCGAT TCAGATTCAG ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGAAGTAC ATTCCGACAG 3720
 TGACTCCGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTG CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC 3780
 AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC 3840
 10 CGACAGTGAC TCGGATTGAG ATAGCGACTC AGACTCCGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG 3900
 CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAAATC AGACAGCGAT TCAGATTGAG ACAGCGACTC 3960
 AGACAGTGAC TCAGATTCAG ATAGTGACTC GGATTGAGCG AGTGATTGAG ACTCAGGTAG 4020
 15 TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC 4080
 AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA 4140
 20 TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC 4200
 AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG 4260
 AAAAAAGAA AATAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTG 4320
 25 ATGAAGnAAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA 4380
 TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT 4440
 TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTTGTTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA 4500
 30 AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAT 4560
 TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG 4620
 TCGTTGAAAC TGACTAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA 4680
 35 TTGGATGATT TCAATATGGT CChTTCCCA 4709

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1554 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

50 CTTTTTTAat TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT 60
 CATTTaataA gCgCTTCaC ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA 120
 CAGTAACTAA GCGCAATTTT AGGTTGATTG ATAACAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT 180

55

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300
 TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360
 5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTTT AAGTAyACGT 420
 GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480
 AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540
 10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGCTC TTTTAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCTG 600
 TTTGTAAGYT TTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTAAACATAC TTACTTTTAC 660
 AAACCTATTC ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAA CGCCTCAAAC 720
 15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780
 TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840
 20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900
 AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTTAA 960
 TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020
 25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080
 ACATACTAGC CAATAAACT CCAATCATAC TACCCGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140
 CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200
 30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260
 GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTTATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320
 CCAGTTTTCT TGATTTTATA TGATTGTTCT CTTTTTGTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380
 35 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440
 ATTCGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500
 40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 638 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCaAT GTTTGTATAG 60

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180
 TGTTCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCrCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCCAAGCG 240
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360
 TTTTCGATTTT TGA CTGTGT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCC AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTCC GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTGCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1242 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGA CTTTAGG ATTTGTCATT 60
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180
 AAACCTTAATA GCTTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACCTGA 540
 45 ACTACGTGAC aGTTTCaAA TACATtATGA CATTAAATGAc AATCATAACAC CTTTTGATAA 600
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780
 GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTITAG ATGAACAGTA 960
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080
 AGCCTTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAAt 1200
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 744 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180
 30 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240
 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420
 ACAATTCTCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCTGTAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1449 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAAAC TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTTT TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTC AAT TACATTGTCT GTTGCCTATA TACCGTGTTC GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
	CTGATGTIAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGTCTTT	420
15	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGTT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACTTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGCTTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTTGG AACTCTTTGA TAGCACTcCG TAGCTTTTTTA GTAATTTTCA	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTGCTTATT CATGCTTAGA TGTGTTGTTGA	1020
	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCCTG	1080
35	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AAACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA 60
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT AACTTTTAGA 120
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAGCAA AAGGTGATAC 180
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTTAGATA CTGTAATTCA 240
 TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAAACTGGGT TGAAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360
 15 TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480
 20 TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC 540
 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600
 AGATTTCAAT TATTTTGGAA TTAACATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660
 25 TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAA AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720
 CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780
 AAAAGGTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAk TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT 900
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT 960
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT 1140
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTATGTCT 240
 5 TATGACGATA TCATTTTCATT TTGTAAAGAA AACAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAACAA 420
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAT CATTCGAAAA CTTTGTCTATT 540
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600
 15 CAGATAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780
 CATTTATACG TGAAGTCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960
 TGAATTGAC ACAAAGCTGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200
 AAGCTTTGTA TATCAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTGTAGCT ACATTTAAAG 1380
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1484 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACTTGAA AGATTTCCTCC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT 180
 CAAACAATGT AGTAAGwATA GATACTCCTT TTAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA 240
 5 TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA 300
 TATtTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAAGATTT 360
 TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTTG 420
 10 TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT 480
 TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG 540
 TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA 600
 15 GCAGTGGTGT TGTTcATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA 660
 AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG 720
 20 ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA 780
 ATGACTCAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA 840
 GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA 900
 25 CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCTG AACAGCTTAA 960
 GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT 1020
 TCTATGAGAA TAGATATTGT TAAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA 1080
 30 GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA 1140
 CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA 1200
 ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT 1260
 35 TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA 1320
 ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT 1380
 GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAAT AGAATATATC 1440
 40 mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT 1484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1435 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:
 55

	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTtTG TTTGATTtTCC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAACTTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT	540
15	CATTAATAGT TACATGCCCG TTTTtATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAAA CCACCTTGGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGAsTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGtTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAC	960
	TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTcATT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTGC GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATTCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
35	GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTcATC TCTCGAAAAA TAGCTAAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 516 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAAGA TTACCATTTCG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGAAGATGA 180
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTG TTACGCGGTT CTTCA- TTGA 240
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCAATGA 300
 10 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360
 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420
 AGGCGTTCCA GAGaTGATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCAT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60
 GTGCCAGAAC CAATAGTact GGTcTAATGA TTTTGCCTC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCATCTTT 180
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240
 35 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTTGGTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300
 AATAACTTTA GGATTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAACTAA 480
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTG 540
 TTTTGGCCCT TTATAAAAT GTCTTTTACT AACAGGATT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600
 45 TGGTTTAAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660
 TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTGT TGCAACTCAT TACTCCATCC 720
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780
 50 TTCATACCAA GATTTTATTT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTC CCCCACCGA CTCTATTCCA 900



EP 0 786 519 A2

AAAAGCACCT TGTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020
GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080
5 ATTAAATGTT GGTGCTGAC TGTATGCTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140
CGCAAATAAA TCTTTGCGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200
TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260
10 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320
AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380
AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGATA 1440
15 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500
TTTGTCTGA TACGTTAAAT TTGTTCTTTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTTCTT 1560
20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCTCTGG CTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620
TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTTT 1680
ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740
25 ATCATATATC TTTCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCAATTGC 1800
CTTCATGACT AAATCTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATCTTAA 1860
AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920
30 TTTTAAATT TTAATTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

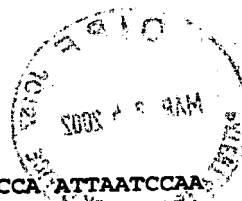
35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 704 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTGGCT 60
45 CATTGTAGAC TAAATATAA TAAGCGTTT CAAATAAGTG CTTTTAGCA TTTAGTACAC 120
CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180
AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240
50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300
TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360

55



TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480
GCCCCAACAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540
5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600
TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660
GGTAAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATTAAAACAT TAAC 704

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1158 base pairs.

15 (B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAACCTAT 60
TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120
25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTTGTCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180
TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240
TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300
30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTCAAAA ATATAAATAA CACTCTTA TCGTTTTCAA 360
AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420
CAAGAATACA TATAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACAACTTC AAACCACTTC 480
35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540
GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600
ATACAACCTA CTAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTCTT 660
40 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTTGCAGTC 720
GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780
45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCTCTGT AAGTAAAAAA 840
TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900
TAGAAACCAC CTTCAGGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960
50 TTCATTATT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020
CATCGATTAA TTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

TGATACTTAT	TTTTCAATAT	TATTTGGAAT	AAANTCTTnT	AATTGTGGTG	TGAAATAAAC	60
ACCGAAATTC	TTTTCAGATT	CATCTTTTcC	ACTACCTGCA	TATAAAATAC	CAATCAGTyC	120
ATGTTTAGAA	TTCAATACAG	GAGATCCTGA	ATTACCTGGT	TGTGCATACG	CATCAAATTC	180
CATAAACGTT	CCACTGATAT	GGTTAATCGT	TCCTGTCGAT	TCAAACATTT	TATATTTTGT	240
TTGTGCACCC	TTTGGATAAC	CAATAACAGA	AATTCTATCT	TTCACTTTTG	CTCCGTCTGC	300
AAATTTTGTA	TAACTAACGT	TCTTATTAAA	ATTCAAACCT	TCTGTACTTG	TTTCATGAAC	360
ATGAACTATC	GCAAGGTCTT	CTTTTCCGGG	ATATTCTACA	ATGTCCTTAA	CGTCGTAGTT	420
TCCTCCGCCT	TTACCTTTAC	TCGAATGATG	TGCTGATACT	CTATTTTTTA	AAATATCATT	480
ACTTTTAGCG	ATATGTTTGT	TAGTTACGAT	TGTATTTTTA	CCAACAATA	CACCAGTACC	540
ACCCACAAAT	GCTACCACTG	aATTGTATGG	TTCTTAGTT	GCATCGGTAA	TTTCTTTGAC	600
ATTCTTTTCT	GCTTTGGCAA	TTGAATGArG	CTGATTAGAA	ATATTTTCAG	CAAAACCAAG	660
AGATGTTAAA	ATAGTTAAAG	CAGTTAAACC	TTTAACCATT	ACATTTTTAT	TCATATTTTA	720
CCTCCTTCCA	AATTTATTTT	nATAGTTAAT	GTATCTAGAT	ACACATTTAC	TATATACATT	780
TTAAATAAAA	ATATThATTA	AATATTAATT	AACCACTTAT	nAACGTT		827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

nGGnACGTAA	AGTATTTATG	TTAAATGGCA	nAAATATATG	AATGATGAGT	TACCTGGATT	60
ACCAATGTTC	CAAGGTAAAT	CGATAACTAT	TGTTAACGAT	AAAGTACGAA	ACTTAGACAT	120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTTGAAAAT 300
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720
 20 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780
 GATGTCACGA TTCAAG 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1618 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaA TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTTA 60
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTAGATACA CAGATGGTTC 480
 50 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540
 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600
 AGAATTACAA GTATTTTTAG CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660
 55 CTTACAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTTA 840
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020
 10 GAGATGATAT TTTTCGAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200
 15 TTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTTAAAAGA CATTGCCCCT TCTACTGAGT 1260
 TGCGACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAGCTG 1440
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500
 25 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560
 ACTTTAATAA TTAATAAAT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2115 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60
 40 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120
 AACAGAGTAC GTTAAATCT GCATTTCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtCA 240
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360
 50 ACAAATAAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAATA GCTGTGAAAG 420
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAATAA AAATACAGCG 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTGGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTC TCTATATCTT 720
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTAA 780
 GGGAAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTGTAGTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATA 960
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080
 TATCTTTTAA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCAGCTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTATTAA TTAGCTATAG TGGTGAAAT 1380
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATTGCG 1500
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740
 ATCATTCTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5 TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA 60
 ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA 120
 ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA 180
 10 TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA 240
 ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT 300
 TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA 360
 15 ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC 420
 AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA 480
 20 ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG 540
 TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTG TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA 600
 CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG 660
 25 GAAAGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCgAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC 720
 TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG 780
 AGCGTATGTG CTATTTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG 840
 30 ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAAACT TTCCCATCAG 900
 TCCAATTtGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG 960
 35 TCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 1097 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

5 GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATTnCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG 60
 50 GAWTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA 120
 ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG 180
 TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTTTAT CGTTAACTAT 240

CTTTTGTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCAGGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420
 5 GCTGTTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600
 TCATTATTG TACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATACAGAGA GTTTGCTTGG 720
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCOA TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTGCGAC 780
 AGCTTGGAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTCAATGAA CGCATTAAAT 960
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020
 25 GACAACTTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

- 30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2031 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60
 AAGCTTTTTT TTTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGA CTTTTTAATT CTTTATTA 120
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAAGTC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAAATTTTGC 180
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAG 240
 TTGCGCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTGTG GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

	TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTT TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT	660
	CGGAACACTG ATAGCCAATT TGA CTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC	720
5	AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG	780
	TGCTTTAAG ACTTTTTTCAA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA	840
10	ATTTATAACT TTACTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA	900
	CGTCGGTATA AAAGTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC	960
	GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT	1020
15	TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA	1080
	ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTTA	1140
	GGTGCTTAA CAAGTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA	1200
20	TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT	1260
	TGTTATATTG GCTATCATAT TTA AAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTA AATTAC	1320
25	GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTT TTAAT TTTCATGCAA ATTTT TTAAGC ACCATATAAT	1380
	GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTGTC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT	1440
	CCAACTAGT CGAAAATAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT	1500
30	AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA	1560
	TGGCTTCGCT TTCCTAGGT GCCGTCTCAG CCTCGGCTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG	1620
	GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA	1680
35	TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG	1740
	ATATTTGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT	1800
40	TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT	1860
	ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA	1920
	TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA	1980
45	GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C	2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGGTGTAA CCGCTACACT 60
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TCGGGGAGGC GGATTGTAAC CACCGACCTT 120
 5 CGGGTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240
 AATGTTATCT CTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300
 10 ATATTAGTAT ATTCAATTTT GTAGTGTACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360
 AAAAACGCTT CTTATTCCTT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCCnTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 843 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120
 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180
 40 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTCAATTT CATCTAGCGG 480
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTTGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCGCTC 540
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATTT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840
 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAAG TTTTACATA TTTTCAACAA CTTTATTTCA 60
 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGAAATA CCGATGTTGA TGTCACTGTC GTTTTCGTTG 180
 TATTGCTCTT GGAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTGTGA TCTTTTGCAC 240
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTTAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540
 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTGA CCAAATCATT TGTTATAAAC 600
 TATAGTAATA TTAATCATT CTTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720
 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

TGTGGCAATG TGTTTATTTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240
 5 AATGGGATTG AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300
 GCAAAGTGGA TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720
 20 GTTTTATG 728

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 913 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAGACAC 120
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360
 45 GCTGTATTGC TAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTCAG AAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540
 50 ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900
 5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60
 20 TTCCACCCCA TTAAGTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120
 TCTGTAAAAT CATTTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAAACAATT 180
 25 ATCGTATTCG TTATTTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240
 GGATTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300
 GCGGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTTACAAT TGTATTTCGAT 540
 35 AGAGTAGGCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAAC TTCATTATTA 600
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60
 50 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120
 55 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTACCG TATAATACGA TGTCCGGTGC 180

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGTGATGA CACCTAAAGA 360
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600
 AATACGATTG GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1210 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CCnCCAAATA TCCAANGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAACT 60
 ATGGCATTTT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120
 30 TTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGTCT AAAAATCTCT 180
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTGTGTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360
 CATTTAATGG ATAATTTGCT TGCCTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAACATA GTACCTTCTG 480
 40 TGcCACCCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATT TTAATTTCTT 600
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAAY TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTG 900
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCTCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAC CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATAcAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTtCAGGGAC TCAATTAAATT ATCACATTCA 120
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTgA TAATTCACta CCaAAAAACAC 300
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTcAGT 360
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTTCTCCA 420
 AGCTCTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTT 540
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 TnACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAAtG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60
 TTCATCaTGg GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTGgTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300
 5 TTAAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCTTT ATCTAACCBA 360
 GTGTTGATAA GTTCATTGG TACACCATCT AACAACATT CACTTTTACT AATTATAAAA 420
 10 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480
 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540
 CTTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAAGC AAAGGTTTTTC 600
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTIAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGTT TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTGTTG 780
 20 AGATTGCGCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 1786 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCTG ATTATTAATA 180
 40 TCTTGTTGAC CATCAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATTTC 240
 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACCTC ATAATTTtCA 360
 45 TCATTAAAaa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACTT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660
 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720
 55

ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTGGA 840
 ACCAATTGGA ACGACGCCTG TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT 900
 5 TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT 960
 CCTTAAAAAT AAAACATCCT CTTCACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC 1020
 10 TAATTGAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC 1080
 AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGCTA AAATTCGATA CATGTATTAA 1140
 CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG 1200
 15 AAATCATTTC TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAAAT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT 1260
 TTCATGTGTT TCTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT 1320
 GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC 1380
 20 GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA 1440
 AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC 1500
 25 TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGG TACTGAAATA CTGCATATTG 1560
 ATTCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT 1620
 ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT 1680
 30 GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCTT 1740
 GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA 1786

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 844 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45 ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC 60
 TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT 120
 GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTAAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA 180
 50 CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT 240
 GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA 300
 55 CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC 360

TTACATTTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTGGA ACATTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGTaTA GGAGCATCAC TATTTTkCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAAGTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660
 10 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720
 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840
 15 TCAT 844

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 574 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT, AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTaaTCCA CTACTTGACT CACGATTGT 180
 CACTGTTAAT GATTGAGTA CTTTAAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60
 5 GAAAGTTTGT AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300
 AATACACATT TATTTGTAA TAAAGTGTAT GGCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAAT TAGACAACAT 420
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCTA 180
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCAATTATG ATGCAGTTAC GAAACTAGGT GGCATGTTAT 240
 TGCTTATTTT AAAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300
 tGCATATGCA CAAAATCTTA TGTGTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360
 40 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCA GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTAAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140
 10 ATATAAGAAT TGTACAACCT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260
 TGCAAATACA GGCGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GCGGATAAGA TAACATTAGG 1440
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860
 AAGTAGTTNa A 1871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180
 50 CAGAAGAACA TCAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGAAAA 360

ATTAGGGGGT GtTTnGTkTn ATTTTTTTAA n

451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 665 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT 60
 AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT 120
 GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT 180
 GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTTACTA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA 240
 TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTC CTTTGCGTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA 300
 aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA 360
 AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA 420
 GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA 480
 TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA 540
 TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT 600
 GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA 660
 GTAAT 665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA 60
 AGAAAAACA AATCGTCGTG TTAATTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA 120
 ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AwTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTAACTT 180
 AATTCctGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT 240

	TTCCGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCycGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTTCGCTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTATTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGCGGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGAA TTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGIAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
50	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

55

AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160
 TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220
 5 TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280
 AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAAGT TATAGTGATA 2340
 AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400
 10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAAATG CCAAATGTCA 2460
 TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520
 15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20 (A) LENGTH: 2286 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

25 TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60
 TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120
 30 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACCAAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180
 TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240
 35 CTAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300
 ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360
 GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTGATCTA AATCATTAACT CTTAATAACA ATCCCATCAA 420
 40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT 480
 CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAG ACCTAATTTA TCTAACTCAT 540
 CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600
 45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660
 CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720
 50 GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtCTTT 780
 TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840
 TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020
 TGTGATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140
 TGTGATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTCTT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380
 15 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTTCG 1440
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTGCGCTTA GGTGTATCG 1500
 TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGGAAATTTCC TTTAAAAATC 1560
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAATT 1680
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTACTAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTCGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980
 GATAGCCAGA CTTTGTAAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040
 35 CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTGTGTC ACCTTTTTTG 2100
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160
 CATAGTTTTG AACTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTGGGA ACATTaATAA 2220
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280
 CTTTGA 2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

	TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC	120
	AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT	180
5	GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG	240
	ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTGGG	300
	GGCTTATGCC nTTAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA	360
10	TtATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

	AATAATTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG	60
25	TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC	120
	ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA	180
30	AATTCCTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA	240
	TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT	300
	TCAACAACCT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT	360
35	AAACTGCTC CTCTGATTG CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA	420
	ATTAGCCAAG TACCTTTATC ATCTTTTTTA AAT	453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

	TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG	60
50	CTCaATTAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTGCTT ATCTAATTCT	120
	GCaATTTTCT TCATTGCTT ATCTGATTG TTTCTTTTCG CCATCATTTG ATCAGGACGA	180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTC AATGTTTCGG GTGTTTTACC TTCAAGGTTT 480
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTG GAAATAATGA 900
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960
 TTCATGTTTT GATAATTCC TCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT 1080
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140
 30 TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200
 TTCCCATTGC ACTGCATAAC T 1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

40
 45 TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60
 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

55

TTACTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480
 GATTTTTTAAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCAAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540
 5 GTACAATCAT TGCACTACCG AAACGCTTTA TCGCATTTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTG ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780
 GTTGATTTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840
 TATATAATGA CATAACAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900
 15 AGGTTGAATA TGTTTTTAGA TGAACACATT AATCGAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960
 GATTTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAAA 1080
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4005 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60
 TGCCTCTTAA AACCATGAAA TTAAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTGTA TGTTTAAATT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420
 ACTGTTTTAT AAAAATTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480
 ACAACAATAA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTCCTAA TTCATGAGGA 540
 50 CGATCTAATA TGATTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

	TAGTAATTTT	CGAGTACAAT	CCGTTGTCCT	TCACCTAAAA	TCGAGAACA	ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT	CATACAATTC	GCGTTTTACT	TTTCTTCTTT	TATGATCAAA	ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT	GATGATACTG	TTTATCTAAA	AAATGAGCAT	ACATTACAAA	TTGCTCTTCA	900
	TCATATATTC	TGACATCATT	TGAATTTTCC	ACAAATTTCA	ATGTGTACCT	ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT	GTATCCAGTT	AAC TTGCTTT	GTCTTTTTAT	AATTGATTGC	TTTTTGAAAA	1020
	TAGTCATACA	TTGTAAATAC	ATCATTTTCA	ATCTGATGTT	GCTTCGCATA	TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC	ATTTAACATA	TACACATTTT	GAAGATATGC	CGTGTGTGTT	GAACAACCTC	1140
15	AATCTATTTA	TTTGCGCTTT	TTCTACACCT	GTAATTTTAC	TTTCTAAAAAT	TGTTCCCTAAA	1200
	ATGTAATTCA	TATTATCGCC	TCATATAAGT	TTTATTCCGT	ATCTTTATTG	TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA	CATCTATTGC	ATGTGTAATT	ATAAAAAAAC	CAGGCCACAA	GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT	TATTGTGTTT	GT TTTTTCG	ACGACCGAAT	AACAATAATG	AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT	CCACCAAATA	ACGTTGCGTT	ATTTGAGCCG	TTATTTTCAC	TACCTGTTTC	1440
25	TGGTAATGCT	TTTGCTTTAT	TGTGATGGTC	TTTAGTAGTA	CTCATTGGTT	TAACAGGTGT	1500
	ATGTTTTTCT	GCATCCGAGT	CTGAATCGCT	GTCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT	GAGTCGCTGT	CCGAATCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1620
30	ATCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	ATCTGAGTCT	GAATCGCTGT	CTGAATCTGA	1680
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAGT	CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT	GAGTCGCTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	GTCTGAGTCT	GAATCGCTAT	CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCCGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT	GAATCACTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTGTCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	TGTATCTTCT	TCGAAGTATC	CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA	TCATGATCCG	TAATTGTTAC	GTCAACTTCG	CCACCATCTG	CATCTTTATC	2100
	ATCTTCAGTT	GTATTTGTAA	CTGTTTGTGT	TAAGCCAGCA	GGCTTTTCAA	AAATAACTTT	2160
45	GTATTTACCG	CTATCTAAAT	TATCAAAGCA	GTATTTACCA	TTTTCATCTG	TTTTAGTTGT	2220
	TCCAATTACT	TCGCCTTTTT	CATTTAATAA	AGTAACTTTA	ACATCTTTGA	TACCTTTTTTC	2280
50	AGTTGAATCT	TGTTTGCCGT	CTTTATTACT	GTCGTACCAA	ACATAATCAC	CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGTT	TTATAGAAAC	CACTGTCTAA	TGTCATGTTA	TCTGCATCTT	TAATGACACC	2400
55	TGTTGTTGTT	AAACCATTAG	AATCTTTTTT	AGTATCATTT	CCAGAAGTTA	CTGAAGTTGG	2460

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTTTTAA AACTTGTCGT TTTCATCTTT	2580
	TAACGTAAC GTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CATA CATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTGTGTGAT GTACCATTG AATCTATAACC	2760
10	TTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTGG TGTGTAACCT GATGGTGTTT CGAATTCAAC	2820
	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGAAA ACTTCACCGT TTTCAATTTT CAATGTAAC GTTACGCCTG AAATACCTTT	2940
15	TTCAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATA CATAAT TACCTAAATT	3000
	ATATTTTGGT GTTTTG TAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAAATAAC	3060
	ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTAGTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGGAT ACCATTTTTA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAAGTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
30	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTGGTAA GTTTGAAAAT	3480
	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTTG AACAAAGTGT	3780
40	GGGCTTTCGC TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

	TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
5	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAACCTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACITCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTCA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAAATCA	420
	CAAACCTCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTTAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTTATT CTAATAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTTTCA	780
	TACGGTACGA TTAATAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
30	AAAATCATCA CATTATTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTTA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAACTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTACCCCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT	1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1323 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear